



**ΓΕΩΠΟΝΙΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ
ΤΜΗΜΑ ΒΙΟΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑΣ
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΓΕΝΕΤΙΚΗΣ**

**ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ
ΒΙΟΛΟΓΙΑ ΣΥΣΤΗΜΑΤΩΝ**

Μεταπτυχιακή Διπλωματική Εργασία

Κλιματική αλλαγή: επιγενετικές διαμορφώσεις και χρήση του μικροβιώματος
της ριζόσφαιρας για την καταπολέμηση των επιπτώσεών της

Χριστίνα Ν. Βάιλα

Επιβλέπων Καθηγητής

Δημήτριος Βλαχάκης, Αναπληρωτής Καθηγητής ΓΠΑ

**ΑΘΗΝΑ
2024**

ΓΕΩΠΟΝΙΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ
ΤΜΗΜΑ ΒΙΟΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑΣ
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΓΕΝΕΤΙΚΗΣ

ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ
ΒΙΟΛΟΓΙΑ ΣΥΣΤΗΜΑΤΩΝ

Μεταπτυχιακή Διπλωματική Εργασία

Κλιματική αλλαγή: επιγενετικές διαμορφώσεις και χρήση του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας για την καταπολέμηση των επιπτώσεών της

“Climate change: Epigenetic modifications and the use of rhizosphere microbiome to mitigate its impacts”

Χριστίνα Ν. Βάιλα

Εξεταστική Επιτροπή:

Δημήτριος Βλαχάκης, Αναπληρωτής Καθηγητής ΓΠΑ (επιβλέπων)

Ηλίας Ηλιόπουλος, Καθηγητής ΓΠΑ

Τριάς Θηραίου, Επίκουρη Καθηγήτρια ΓΠΑ

Κλιματική αλλαγή: επιγενετικές διαμορφώσεις και χρήση του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας για την καταπολέμηση των επιπτώσεών της

ΠΜΣ Βιολογία Συστημάτων

Τμήμα Βιοτεχνολογίας

Εργαστήριο Γενετικής

ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Το μικροβίωμα της ριζόσφαιρας, και ιδίως τα βακτήρια, είναι απαραίτητο για τη ζωή και την υγεία του φυτού, διαμορφώνοντας διάφορες αμοιβαία επωφελείς σχέσεις. Κατά τη διάρκεια της εξέλιξης, τα βακτήρια του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας έχουν αναπτύξει ορισμένες στρατηγικές επιβίωσης σε διάφορα ενδιαιτήματα και σε διαφορετικές περιβαλλοντικές συνθήκες, υπό το πρίσμα της επιγενετικής. Η μεταβολική δραστηριότητα σχετίζεται με το μέγεθος του βακτηριακού γονιδιώματος, καθώς αυξανόμενου του μεγέθους του γονιδιώματος, τόσο πιο σύνθετες είναι οι μεταβολικές διεργασίες που πραγματοποιεί, με τα βακτήρια μεγαλύτερου γονιδιώματος να προσανατολίζονται στην αντοχή στις περιβαλλοντικές συνθήκες, είτε στην πρόσληψη θρεπτικών συστατικών. Ακόμη, δεδομένης της κλιματικής αλλαγής που βρίσκεται σε εξέλιξη και των φυσικών καταστροφών που αυτή συνεπάγεται, τα βακτήρια έχουν αναπτύξει διάφορους μηχανισμούς επιβίωσης και ανάκαμψης. Στην παρούσα μελέτη δημιουργήθηκε μία βάση δεδομένων που περιλαμβάνει τα πιο άφθονα βακτηριακά γένη στη ριζόσφαιρα του εδάφους έντεκα φυτών με σκοπό να εντοπιστεί ο ρόλος που διαδραματίζουν στην υγεία των φυτών. Επιπλέον, μέσα από στατιστική ανάλυση λογιστικής παλινδρόμησης δημιουργήθηκε ένα μοντέλο πρόβλεψης της επιβίωσης των βακτηρίων αυτών και της ικανότητάς τους να προσαρμόζονται σε επικείμενες αλλαγές στις περιβαλλοντικές συνθήκες με βάση τις αλλαγές συγκεκριμένων παραμέτρων. Ως αποτέλεσμα, προτείνεται ότι ο τομέας αυτός χρειάζεται περαιτέρω διερεύνηση και η μελλοντική έρευνα θα πρέπει να επικεντρωθεί στον έλεγχο των μεταβολών της αφθονίας και των πιθανών επιγενετικών τροποποιήσεων στο DNA των κυριότερων βακτηριακών γενών του εδαφικού μικροβιώματος, από περιοχές που πληγεί από τις συνέπειες της κλιματικής αλλαγής. Με αυτό τον τρόπο, και σε συνδυασμό με τα στατιστικά μοντέλα θα κρίνεται η καταλληλότητα ενός εδάφους για την καλλιέργεια ενός φυτού, θα προβλέπεται η συμπεριφορά των βακτηριακών γενών μετά από μία φυσική καταστροφή, ώστε να ληφθούν τα απαραίτητα μέτρα για την επαναφορά του εδάφους στις ιδανικές για τα βακτήρια συνθήκες, είτε να προσαρμοστεί το είδος της καλλιέργειας με βάση τα νέα χαρακτηριστικά του εδάφους που ευνοούν συγκεκριμένα βακτηριακά γένη.

Επιστημονική Περιοχή: Γενετική

Λέξεις κλειδιά: μικροβίωμα ριζόσφαιρας, κλιματική αλλαγή, επιγενετική

Climate change: Epigenetic modifications and the use of rhizosphere microbiome to mitigate its impacts

MSc Systems Biology

Department of Biotechnology

Laboratory of genetics

ABSTRACT

The rhizosphere microbiome, and in particular bacteria, is essential for the life and health of the plant, forming various mutually beneficial relationships. During evolution, the bacteria of the rhizosphere microbiome have developed certain survival strategies in different habitats and environmental conditions, in the light of epigenetics. Metabolic activity is related to the size of the bacterial genome, as the larger the genome size, the more complex the metabolic processes it carries out, with bacteria of larger genome size being oriented towards either resistance to environmental conditions or nutrient uptake. Furthermore, given the ongoing climate change and the natural disasters it entails, bacteria have developed various survival and recovery mechanisms. In this study, a database was created that includes the most abundant bacterial genera in the soil rhizosphere of eleven plants in order to identify the role they play in plant health. In addition, through statistical logistic regression analysis, a model was created to predict the survival of these bacteria and their ability to adapt to impending changes in environmental conditions based on changes in specific parameters. As a result, it is suggested that this area needs further investigation and future research should focus on monitoring changes in abundance and possible epigenetic modifications in the DNA of the major bacterial genera of the soil microbiome from areas affected by the effects of climate change. In this way, and in combination with statistical models, the suitability of a soil for the cultivation of a plant will be judged, the behavior of bacterial genera after a natural disaster will be predicted, so that the necessary measures can be taken to restore the soil to the ideal conditions for bacteria, or to adapt the type of cultivation based on new soil characteristics that favor specific bacterial genera.

Scientific area: Genetics

Keywords: rhizosphere microbiome, climate change, epigenetics

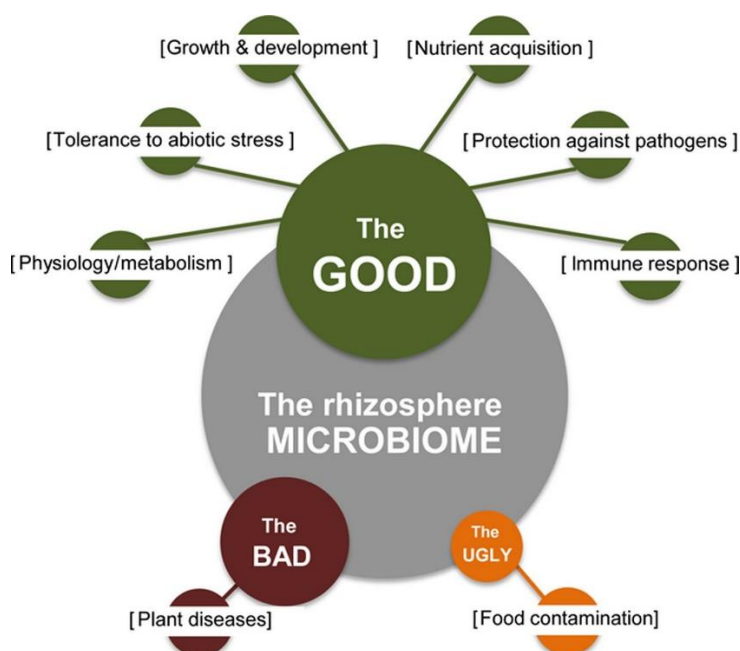
Περιεχόμενα

ΠΕΡΙΛΗΨΗ.....	i
ABSTRACT.....	ii
1. Εισαγωγή	1
1.1 Το μικροβίωμα του χώματος	1
1.2 Τα κυριότερα βακτηριακά φύλα του μικροβιώματος	3
1.2.1. <i>Proteobacteria</i>	3
1.2.2. <i>Actinobacteria</i>	4
1.2.3. <i>Acidobacteria</i>	4
1.2.4. <i>Planctomycetes</i>	4
1.2.5. <i>Bacteroidetes</i>	5
1.2.6. <i>Verrucomicrobia</i>	5
1.2.7. <i>Firmicutes</i>	5
1.2.8. <i>Gemmatimonadetes</i>	6
1.3 Ο ρόλος της επιγενετικής στις στρατηγικές επιβίωσης των βακτηρίων	6
1.4 Προσαρμογή στις κλιματικές αλλαγές και επιγενετικές τροποποιήσεις	10
2. Μέθοδοι.....	13
2.1 Δημιουργία βιβλιοθήκης βακτηρίων της ριζόσφαιρας.....	13
2.2 Εφαρμογή πολωνυμικής λογιστικής παλινδρόμησης	35
3. Αποτελέσματα	44
4. Συζήτηση	49
5. Βιβλιογραφία	52

1. Εισαγωγή

1.1 Το μικροβίωμα του χώματος

Κατά την τελευταία δεκαετία παρουσιάζεται αυξημένο ενδιαφέρον από την επιστημονική κοινότητα για την διερεύνηση της εξέλιξης του μικροβιώματος, αναγνωρίζοντας τη σημασία του τόσο στην ανθρώπινη υγεία, όσο και στην υγεία των φυτών, καθώς και τον κρίσιμο ρόλο του σε πολλές περιβαλλοντικές διεργασίες, δεδομένου ότι τα μικρόβια αντιπροσωπεύουν περισσότερο από το 60% της βιομάζας της Γης [1]. Όπως και συμβαίνει και στον άνθρωπο, είναι γνωστό ότι και τα φυτά «φιλοξενούν» πληθώρα μικροοργανισμών σε κάθε προσβάσιμο ιστό τους, όπως βακτήρια, μύκητες, πρωτίστα, νηματώδεις και ιούς [2], τα οποία αποτελούν το μικροβίωμά τους. Οι μικροοργανισμοί που συμμετέχουν στο μικροβίωμα είναι άφθονοι, ξεπερνώντας, μαζί με τον αριθμό των γονιδίων τους, την κυτταρική πυκνότητα του ίδιου του φυτού. Αυτό το χαρακτηριστικό έχει σαν αποτέλεσμα το μικροβίωμα να θεωρείται ως το δευτερογενές γονιδίωμα του φυτού. Επομένως, το φυτό μπορεί να θεωρηθεί ως ένας υπεροργανισμός, ο οποίος βασίζεται στο μικροβίωμά του ως ένα όργανο για την περάτωση ορισμένων λειτουργιών. Ωστόσο, δεν είναι όλοι οι μικροοργανισμοί της ριζόσφαιρας ωφέλιμοι για το φυτό. Πιο συγκεκριμένα, κάποιοι από αυτούς είναι ωφέλιμοι (αποκαλούμενοι ως «καλοί»), κάποιοι είναι φυτοπαθογόνοι (αποκαλούμενοι ως «κακοί») και κάποιοι είναι ανθρωποπαθογόνοι (αποκαλούμενοι ως «άσχημοι») [3].



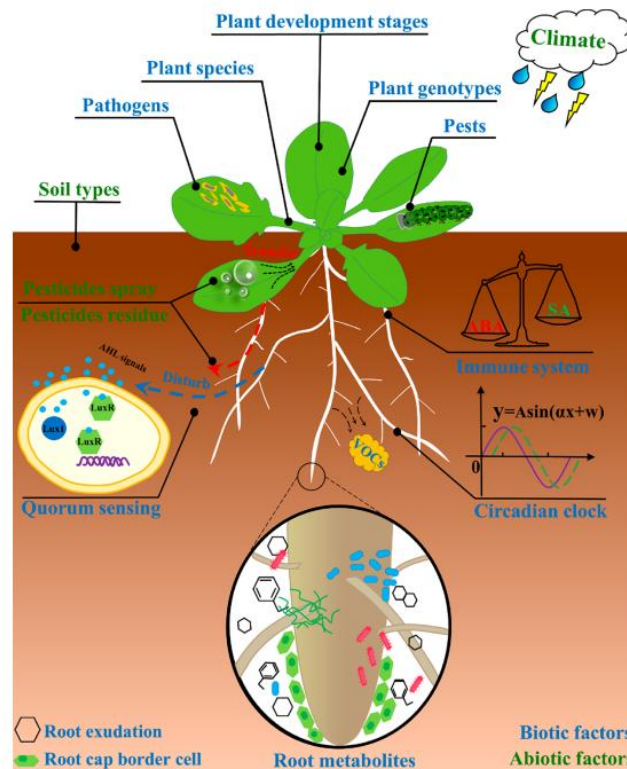
Εικόνα 1. Σχηματική αναπαράσταση των λειτουργιών των διαφορετικών τύπων μικροοργανισμών [3]

Προκειμένου να ταυτοποιηθούν τα βακτηριακά είδη που υπάρχουν στο χώμα πραγματοποιείται η αλληλούχηση της υπομονάδας 16S του rRNA που είναι ένα γονίδιο υψηλά συντηρημένο, με μήκος περίπου 1.500 bp και περιλαμβάνει 9 υπερμεταβλητές περιοχές (V1-V9) που βρίσκονται ανάμεσα σε καλά συντηρημένες περιοχές σε πολλά βακτηριακά είδη [4]. Επομένως, με τη χρήση αυτής της μεθόδου μπορούν να ταυτοποιηθούν βακτηριακά είδη, πολλές φορές μέχρι και σε επίπεδο στελεχούς, δημιουργώντας τις λειτουργικές ταξινομικές μονάδες (Operational Taxonomic Units, OTUs) που

προκύπτουν από την ομαδοποίηση παρόμοιων μεταβλητών περιοχών στο 16S rRNA [5]. Έχει βρεθεί ότι σε 1 g χώματος περιέχονται πάνω από 1.000 βακτηριακά γονιδιώματα, ενώ στη ριζόσφαιρα του φυτού τα OTUs κυμαίνονται από περισσότερα από 100, έως και πάνω από 55.000, με τα *Acidobacteria* και τα *Proteobacteria* να κυριαρχούν [6].

Οι μικροοργανισμοί του μικροβιώματος δημιουργούν συνεργατικές σχέσεις με το φυτό στο οποίο αποικούν, επιδρώντας άμεσα στην ανάπτυξή του, στην πρόσληψη θρεπτικών συστατικών, την προσβολή του από ιούς, καθώς και στην παραγωγικότητά του [6]. Ο πληθυσμός των μικροοργανισμών σε ένα φυτό αυξάνεται σταδιακά σε κάθε τμήμα του, δημιουργώντας με αυτό τον τρόπο ξεχωριστά ενδιαιτήματα που ξεκινούν από το χώμα και καταλήγουν στα όργανα που βρίσκονται πάνω από το έδαφος. Επομένως, η σύνθεση του φυτικού μικροβιώματος σχετίζεται με το κάθε τμήμα του φυτού και χωρίζεται στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας, δηλαδή στο χώμα που περιβάλλει τη ρίζα, και στην ενδόσφαιρα, δηλαδή το εσωτερικό των άνω και κάτω οργάνων. Στη ριζόσφαιρα κυριαρχούν προκαρυωτικά φύλα, όπως *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* και *Acidobacteria*, αλλά και μύκητες όπως *Ascomycota* και *Basidiomycota* [7]. Τα μικρόβια της ριζόσφαιρας έχουν είτε θετική, είτε αρνητική επίδραση στο φυτό, καθώς επηρεάζεται άμεσα από αμοιβαίως ευεργετικά μικρόβια και παθογόνα και έμμεσα από την αποσύνθεση, την έκκριση ορμονών, τον ανταγωνισμό από παθογόνα [8]. Η αλληλεπίδραση της ριζόσφαιρας του φυτού και των μικροοργανισμών περιλαμβάνει την επίδραση αβιοτικών (τύπος χώματος, κλιματικοί παράγοντες) αλλά και βιοτικών παραγόντων (έντομα, είδος φυτού, επιδημίες), καθώς και την ρύθμιση της ανάπτυξης, της ανθεκτικότητας σε ασθένειες του φυτού και της σύνθεσης φυτορμονών από τους μικροοργανισμούς [9]. Οι πρωταρχικοί μηχανισμοί σηματοδότησης που παρατηρούνται στη ριζόσφαιρα μπορούν να κατηγοριοποιηθούν σε τρεις ομάδες, με βάση την οδό επικοινωνίας και τους συμμετέχοντες: επικοινωνία μικροβίου- μικροβίου, φυτού με μικρόβιο και μικροβίου με φυτό [10]. Στην επικοινωνία μικροβίου- μικροβίου η ένδο-ειδική και δια-ειδική επικοινωνία επιτυγχάνεται κυρίως μέσω της σύνθεσης και ανίχνευσης σηματοδοτικών μορίων που παράγονται αυτόματα (autoinducers) μέσω ενός μηχανισμού που είναι γνωστός ως Quorum sensing (QS). Ο μηχανισμός QS παίζει καθοριστικό ρόλο στην ενεργοποίηση ή απενεργοποίηση της μεταγραφής διαφόρων γονιδίων, περιλαμβάνοντας διεργασίες όπως ο σχηματισμός βιοφίλμ και ο χημειοτακτισμός. Στην επικοινωνία φυτού- μικροβίου έχουν ταυτοποιηθεί ποικίλα εκκρίματα ρίζας μέσω ενός πολύπλοκου διαμεμβρανικού συστήματος, που απαντάται στα περισσότερα φυτά με τη μορφή σημάτων που κατευθύνονται προς τα μικρόβια του εδάφους. Τα εκκρίματα αυτά περιλαμβάνουν πρωτογενείς και δευτερογενείς μεταβολίτες, όπως σάκχαρα, οργανικά οξέα, αμινοξέα και κολλώδη συστατικά, τα οποία αποτελούν ζωτική κινητήρια δύναμη για τη συγκρότηση του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας [9, 10]. Τέλος, κατά την επικοινωνία μικροβίων- φυτών οι μικροοργανισμοί παράγουν σηματοδοτικά μόρια, τα οποία ανιχνεύονται από τα φυτά και επηρεάζουν την ανάπτυξή τους, τη γονιδιακή έκφραση, καθώς και την απόκρισή τους στο στρες και τα παθογόνα. Έχουν τη δυνατότητα να ενισχύουν την ανάπτυξη των φυτών μέσω της πρόσδεσης αζώτου (N), της παραγωγής σιδηροφόρων, της σύνθεσης φυτοορμονών (αυξίνες, γιββερελλίνες, κυτταροκίνες), της διαλυτοποίησης του φωσφόρου και της παραγωγής ενζύμων που ανακουφίζουν το στρες [10-12]. Με αυτό τον τρόπο, τα φυτά αναπτύσσουν συμβιωτικές σχέσεις με τα βακτήρια, με σκοπό τον μετριασμό των αβιοτικών καταπονήσεων. Τα περισσότερα μέλη του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας λαμβάνουν μέρος σε έναν σύνθετο τροφικό ιστό, όπου αξιοποιούν τα θρεπτικά συστατικά που εκκρίνονται από τα φυτά για να επιβιώσουν [3]. Τα θρεπτικά συστατικά περιλαμβάνουν κυρίως άζωτο (N), φώσφορο (P) και σίδηρο (Fe), καθώς και διάφορους πρωτογενείς και δευτερογενείς μεταβολίτες, όπως σάκχαρα, οργανικά οξέα κ.λπ. Το άζωτο είναι ένα στοιχείο που υπάρχει σε μεγάλες ποσότητες στη φύση και είναι ένα από τα απαραίτητα στοιχεία για την ανάπτυξη των φυτών. Ωστόσο, τα περισσότερα φυτά δεν μπορούν να αξιοποιήσουν

άμεσα το άζωτο του περιβάλλοντός τους, κάτι που μπορεί να πραγματοποιηθεί με τη βοήθεια μικροοργανισμών που διαθέτουν το ένζυμο της νιτρογενάσης με μία αντίδραση που ονομάζεται βιολογική δέσμευση αζώτου, διαδικασία γνωστή στις αζωτοδεσμευτικές συμβιώσεις. Επιπλέον, ο φώσφορος είναι εξίσου σημαντικός για την ανάπτυξη των φυτών και υπάρχουν εξίσου μικροοργανισμοί που βοηθούν στην απορρόφησή του από το φυτό. Όσον αφορά τον σίδηρο, προσφέρεται στα φυτά με τη μορφή οξειδίων του Fe^{3+} τα οποία βρίσκονται διαθέσιμα σε χαμηλές ποσότητες και επομένως, τα φυτά ανταγωνίζονται με τους μικροοργανισμούς για την πρόσληψη του σιδήρου. Κάθε φυτό εκκρίνει αυτά τα θρεπτικά συστατικά σε διαφορετικές ποσότητες που εξαρτώνται από το γονότυπο, τη φυσική κατάστασή του την κάθε χρονική στιγμή, καθώς και το αναπτυξιακό στάδιο στο οποίο βρίσκεται. Ακόμη, τα φυτά εκκρίνουν θρεπτικά συστατικά ως μέρος του ημερίσιου κιρκάδιου κύκλου τους. Επομένως, οι μικροοργανισμοί της ριζόσφαιρας επηρεάζονται τόσο από τον γονότυπο του φυτού, τη φυσική κατάσταση και το αναπτυξιακό του στάδιο, όσο και από το κιρκάδιο κύκλο του, καθώς ανάλογα με τη φάση του κύκλου φωτός- σκότους κυριαρχούν διαφορετικοί μικροοργανισμοί στη ριζόσφαιρα [9].



Εικόνα 2. Οι παράγοντες που καθορίζουν τη σύνθεση του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας [13]

1.2 Τα κυριότερα βακτηριακά φύλα του μικροβιώματος

1.2.1. *Proteobacteria*

Όπως αναφέρθηκε προηγουμένως, τα *Proteobacteria* αποτελούν τα περισσότερα σε αφθονία βακτηριακά είδη στο χώμα. Πρόκειται για gram αρνητικά βακτήρια, τα οποία περιέχουν ενδοτοξίνες λιποπολυσακχαριτών (LPS) στο κυτταρικό τους τοίχωμα. Ο κυριότερος ρόλος τους είναι να οξειδώνουν το μονοξείδιο του άνθρακα (CO) παράγοντας υδρογόνο, ενώ στην πλειοψηφία τους αποτελούνται από μεσόφιλα και ουδετερόφιλα βακτήρια. Τα *Proteobacteria* αποτελούνται από

διαφορετικές υποκλάσεις, όπως τα άλφα, βήτα, γάμα, δέλτα κ.ά. *Proteobacteria*, ενώ ορισμένα από αυτά είναι αναερόβια (*Pleomorphomonas carboxyditropha*) είτε προαιρετικά αναερόβια (*Citrobacter amalonaticus*) [14]. Τα άλφα *Proteobacteria* περιλαμβάνουν βακτήρια, τα οποία εμφανίζουν μεγάλη συσχέτιση με τους ευκαρυωτικούς οργανισμούς και πολλά από τα γένη που ανήκουν σε αυτή την υποκλάση είναι αζωτοδεσμευτικά (π.χ. *Rhizobium*, *Sinorhizobium* κ.ά.). Τα βήτα *Proteobacteria* αφορούν κυρίως παθογόνα βακτήρια των φυτών και των ζώων (π.χ. *Burkholderia*, *Azoacrus* κ.ά.). Τα γάμα *Proteobacteria* είναι στο μεγαλύτερο μέρος τους ενδοσυμβιώτες των εντόμων και των σπονδυλωτών (π.χ. *Enterobacteriaceae*, *Ligionellaceae* κ.ά.) [15].

1.2.2. *Actinobacteria*

Τα *Actinobacteria* (ή *Actinomycetes*) βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο χώμα. Πρόκειται για gram θετικά βακτήρια που αποικούν στο χώμα, που παλαιότερα κατατάσσονταν σε ξεχωριστή ταξινομική ομάδα, διότι τα χαρακτηριστικά τους ομοιάζουν και με τα βακτήρια και με τους μύκητες. Πιο συγκεκριμένα, σχηματίζουν μυκήλγια και κονίδια, όπως και οι ατελείς μύκητες, αλλά η κυτταρική τους δομή είναι όμοια με των προκαρυωτών και όχι των μυκήτων. Ωστόσο, το κυτταρικό τους τοίχωμα δεν περιέχει χητίνη ή κυτταρίνη όπως στα υπόλοιπα βακτηριακά είδη [16]. Είναι αερόβιοι μικροοργανισμοί και σχηματίζουν σπόρια, ενώ το γονιδίωμά τους παρουσιάζει μεγάλο ποσοστό σε κυτοσίνη (C) και γουανίνη (G) (57-75%). Η ανάπτυξή τους στο χώμα εκτείνεται από 10^4 έως 10^8 αποικίες ανά γραμμάριο χώματος, το βέλτιστο pH στο οποίο ευδοκιμούν είναι σε εύρος από 6,5 έως 8, ενώ στην πλειονηφία τους είναι μεσόφιλοι οργανισμοί, αφού προτιμούν θερμοκρασίες από 25 έως 30°C [17].

Αρκετά στελέχη των βακτηρίων αυτών έχουν ως κύριο ρόλο τους να διαλυτοποιούν το κάλιο και τον φώσφορο, να μετατρέπουν τα αέρια του αζώτου σε μορφές που μπορούν να αφομοιωθούν από το φυτό όπως αμμωνία (διαζωτοτρόφοι), να προωθούν την ανάπτυξη του φυτού, να προλαμβάνουν την προσβολή από ιούς, αλλά και να ελαφρύνουν το φυτό από αβιοτικά στρες και προβιοτικά. Εξαιτίας των προαναφερθέντων χαρακτηριστικών, τα βακτήρια αυτά, και περισσότερο το γένος *Streptomyces*, χρησιμοποιούνται ως «εμβόλια» στο χώμα, προκειμένου να αυξηθεί η ανάπτυξη του φυτού, αφού απελευθερώνουν στο χώμα μεγάλες ποσότητες καλίου και φωσφόρου [16].

1.2.3. *Acidobacteria*

Πρόκειται για gram αρνητικά βακτήρια που δεν σχηματίζουν σπόρια, με τα περισσότερα βακτηριακά είδη να αναπτύσσονται αερόβια σε μεσόφιλες συνθήκες, ενώ αρκετά από αυτά είναι οξεόφιλα χημειοετερότροφα. Προκειμένου να μελετηθούν δεν χρησιμοποιείται ως μέθοδος η καλλιέργειά τους όπως με τα περισσότερα βακτήρια, καθώς δεν είναι αποτελεσματική. Τα *Acidobacteria* βρίσκονται σε ένα εύρος ενδιαιτημάτων, από τούνδρα μέχρι και σε χώμα ερήμου, ενώ χρειάζονται χαμηλό pH και μεγάλη συγκέντρωση διοξειδίου του άνθρακα (CO₂) για να αναπτυχθούν [18]. Επιπρόσθετα, τα *Acidobacteria* διαθέτουν τα χλωροσώματα, δηλαδή υπερμοριακές δομές, τις οποίες χρησιμοποιούν για να δεσμεύουν το φως του ηλίου. Ακόμη, περιέχουν πολλά μόρια χλωρίου, γνωστά ως βακτηριοχλωροφύλλες (BChl) c, d, e, f, από τις οποίες συντίθενται οι υπερμοριακές δομές και τα πράσινα βακτήρια των *Acidobacteria* μπορούν να παράγουν την χλωροφύλλη α (Chl_a) [19].

1.2.4. *Planctomycetes*

Τα βακτήρια *Planctomycetes* είναι ακόμη ένα βακτηριακό φύλο που βρίσκεται σε σχετική αφθονία στο χώμα και παρουσιάζει μεγάλη ομοιότητα με τους ευκαρυωτικούς μικροοργανισμούς και συγκεκριμένα τους μύκητες. Πιο συγκεκριμένα, το ιδιαίτερο χαρακτηριστικό αυτών των βακτηρίων είναι ότι δεν περιέχουν πεπτιδογλυκάνη (PG) στην εξωτερική τους μεμβράνη όπως τα gram θετικά και

τα gram αρνητικά βακτήρια, αλλά αποτελείται από πρωτεϊνικό κυτταρικό τοίχωμα που περικλείει την κυτταροπλασματική τους μεμβράνη [20, 21]. Ακόμη, μία οικογένεια των *Planctomycetes* που ονομάζεται *anammox* έχει την ικανότητα μέσω του αναερόβιου και αυτότροφου μεταβολισμού της να οξειδώνει το αμμώνιο, μία διεργασία που πραγματοποιείται στο αμμωνιοξόσωμα και προσομοιάζει τη λειτουργία του μιτοχονδρίου στους ευκαρυώτες [21]. Τα βακτήρια αυτά μπορούν να εντοπιστούν σχεδόν σε όλους τους τύπους ενδιαιτημάτων, με εκείνο που κυριαρχεί να είναι το χώμα κάθε τύπου, ωστόσο τα περισσότερα μελετημένα είναι εκείνα που αποικούν σε υδρόβια ενδιαιτήματα [20].

1.2.5. *Bacteroidetes*

Το βακτηριακό φύλο *Bacteroidetes* βρίσκεται σε αφθονία στο μικροβίωμα των φυτών, με κυριότερο ρόλο του να έχει τη μεταφορά φωσφόρου κατά μήκος της ριζόσφαιρας και την προστασία του φυτού από παθογόνα [22]. Αποτελείται από τρεις μεγάλες κλάσεις gram αρνητικών βακτηρίων (*Bacteroides*, *Flavobacteria*, *Sphingobacteria* [23]) τα οποία δεν παράγουν σπόρια, είναι ραβδόμορφα και αναπτύσσονται είτε παρουσία είτε απουσία αέρα [24]. Τα βακτήρια αυτά έχουν την ικανότητα να εκκρίνουν έναν συγκεκριμένο τύπο ενζύμων που περιέχουν ενεργούς υδατάνθρακες (CAZymes), τα οποία έχουν ως στόχο τη γλυκάνη που περιέχεται στο χώμα. Τα CAZymes βρίσκονται ομαδοποιημένα σε περιοχές στο γονιδίωμα όπου χρησιμοποιούνται οι πολυσακχαρίτες, με αποτέλεσμα να επιτυγχάνουν καλύτερη οργάνωση του γονιδιώματός τους και να παράγουν μεγαλύτερες ποσότητες των ενζύμων την κατάλληλη χρονική στιγμή, δηλαδή μόνο όταν η γλυκάνη που αποτελεί το υπόστρωμά τους είναι παρούσα στο χώμα. Η συνεργιστική δράση ενζύμων είναι απαραίτητη για την πλήρη αποσύνθεση της γλυκάνης σε γλυκόζη, καθώς είναι αρκετά ανθεκτική λόγω των κρυσταλλικών μικροϊνιδίων που περιέχει [25]. Επομένως, η χρήση των CAZymes αποτελεί ένα στοιχείο της εξέλιξης των *Bacteroidetes* προκειμένου να επιβιώσουν στο δύσκολο περιβάλλον του χώματος.

1.2.6. *Verrucomicrobia*

Το βακτηριακό φύλο *Verrucomicrobia* βρίσκεται σε μεγάλες συγκεντρώσεις στο χώμα, φτάνοντας από 10^6 έως και 10^8 κύτταρα ανά γραμμάριο χώματος. Πρόκειται για gram αρνητικά βακτήρια, που είναι είτε ραβδόμορφα είτε σχηματίζουν κόκκους και βρίσκονται κυρίως σε υδρόβια περιβάλλοντα, στο χώμα και σε ανθρώπινα περιττώματα. Όσον αφορά τις ανάγκες τους σε οξυγόνο, τα συγκεκριμένα βακτήρια είναι είτε αυστηρώς αερόβια, είτε προαιρετικά αναερόβια, είτε αυστηρώς αναερόβια, ενώ προσλαμβάνουν τον άνθρακα ως πηγή ενέργειας μέσω σακχάρων [26]. Αποτελεί μέλος της «υπερομάδας» PVC των βακτηρίων που περιλαμβάνει επίσης τους *Planctomycetes*, *Chlamydia*, *Poribacteria* και *Lentisphaera*. Όπως και στα *Planctomycetes* τα κυτταρικά διαμερίσματα των *Verrucomicrobia* αποτελούνται από μεμβράνες, ενώ δεν περιέχουν πεπτιδογλυκάνη στο κυτταρικό τους τοίχωμα. Ορισμένα στελέχη των βακτηρίων *Verrucomicrobia* έχουν την ικανότητα να οξειδώνουν το μεθάνιο σε αρκετά όξινες τιμές pH που φτάνουν από 0,8 έως 2, ενώ επιπλέον είναι ικανά να δεσμεύουν το άζωτο [27, 28].

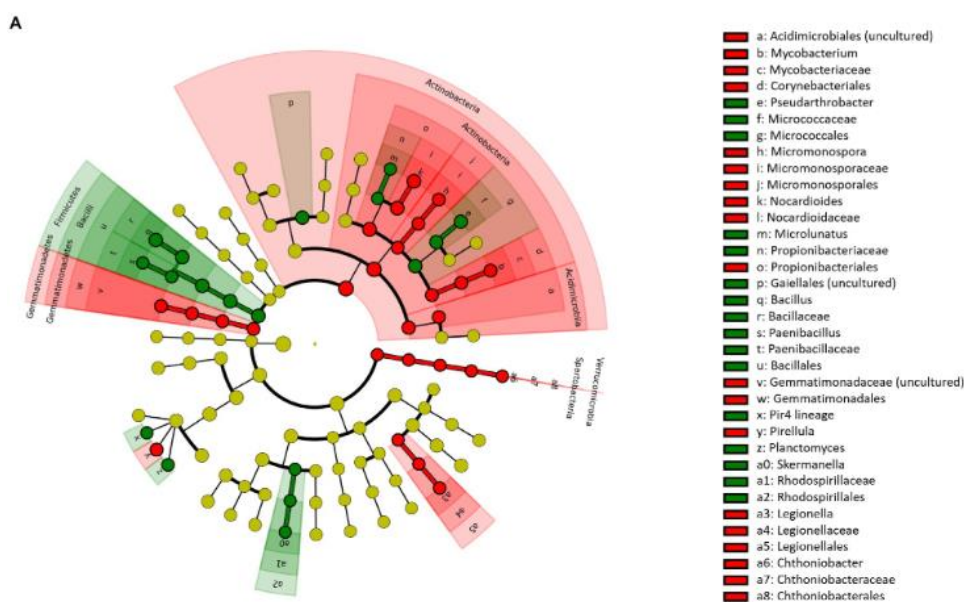
1.2.7. *Firmicutes*

Πρόκειται για ένα βακτηριακό φύλο που τα στελέχη που περιλαμβάνει στην πλειοψηφία τους είναι gram θετικά [29] και σχηματίζουν ενδοσπόρια, τα οποία τα καθιστούν ανθεκτικά σε διάφορα περιβάλλοντα ακραίων συνθηκών [30]. Εξαιτίας αυτού του ετερότροφου τρόπου επιβίωσης των βακτηρίων που σχηματίζουν ενδοσπόρια, παίζουν πολύ σημαντικό ρόλο στον κύκλο του αζώτου στο χώμα, ως απονιτροποιητές, σταθεροποιητές του αζώτου και αποικοδομητές του οργανικού αζώτου, ενώ συμμετέχουν και στον κύκλο του θείου ως οξειδωτικά του θείου και σε άλλα θρεπτικά συστατικά του χώματος, όπως τη μείωση του μαγγανίου. Επιπρόσθετα, έχουν την ικανότητα να διασπούν την κυτταρίνη και την ημικυτταρίνη [31]. Σύμφωνα με έρευνα που πραγματοποιήθηκε, η παρουσία των

βακτηρίων *Firmicutes* στη ριζόσφαιρα των φυτών βοηθά στην πρόληψη λοιμώξεων από παθογόνα [32].

1.2.8. Gemmatimonadetes

Πρόκειται για ένα βακτηριακό φύλο που αποτελεί περίπου το 2% του βακτηριακού πληθυσμού στο χώμα [33], αλλά και σε θαλάσσια περιβάλλοντα [34]. Είναι gram αρνητικό και μπορεί να επιβιώσει τόσο σε αερόβιες, όσο και σε αναερόβιες συνθήκες. Όσον αφορά τις συνθήκες θερμοκρασίας είναι κατά βάση μεσόφιλο, αφού αναπτύσσεται σε θερμοκρασίες μεταξύ 25 και 30°C, ενώ οι βέλτιστες τιμές pH κυμαίνονται από 6,5 έως 9,5 με άριστη τιμή το pH 7 [35]. Ένα βακτηριακό είδος που ανήκει σε αυτό το φύλο και ονομάζεται *Gemmatimonas aurantiaca*, έχει την ικανότητα να παράγει καροτενοειδή, γι' αυτό και παράγει πορτοκαλί αποικίες, που βοηθούν στο να αποτρέπεται η βλαβερή οξείδωση όταν το βακτήριο εκτίθεται στο οξυγόνο [36]. Σύμφωνα με έρευνα που έχει πραγματοποιηθεί το βακτηριακό φύλο *Gemmatimonadetes* είναι αρκετά σπάνιο και ανήκει στην κατηγορία των φωτότροφων βακτηρίων, όπως και τα *Acidobacteria*. Πιο συγκεκριμένα, τα βακτήρια που χαρακτηρίζονται ως φωτότροφα μπορούν να φωτοσυνθέτουν και να παράγουν την βακτηριοχλωροφύλλη (BChl) [37]. Τέλος, βρίσκονται σε εδάφη πλούσια σε θρεπτικά συστατικά και σε οξειδοαναγωγικές καταστάσεις, γεγονός που αναδεικνύει ότι ο μεταβολισμός τους είναι αρκετά πολύπλευρος και τα καθιστά πολύτιμα μέλη του μικροβιώματος του χώματος [33].



Εικόνα 3. Κλαδόγραμμα με τα βακτηριακά γένη που απαρτίζουν το μικροβίωμα της ριζόσφαιρας. Αναπαρίστανται μόνο εκείνα με σχετική αφθονία πάνω από 0,5%. Η διάμετρος του κάθε κύκλου ορίζει την σχετική συχνότητα των βακτηριακών γενών στο σύνολο της ριζόσφαιρας [38]

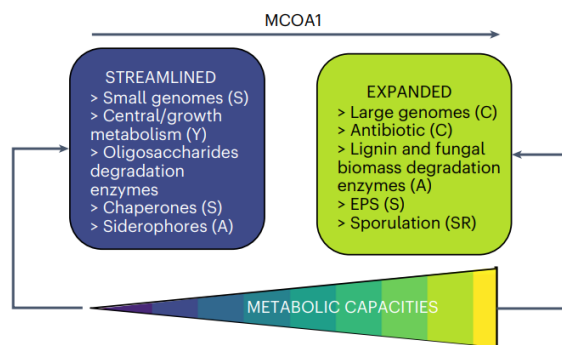
1.3 Ο ρόλος της επιγενετικής στις στρατηγικές επιβίωσης των βακτηρίων

Όπως αναφέρθηκε και προηγουμένως, τα βακτήρια που αποτελούν το μικροβίωμα του εδάφους, διαδραματίζουν πολύ σημαντικό ρόλο στο περίπλοκο δίκτυο μικροοργανισμών, επιδεικνύοντας εξαιρετική ικανότητα να προσαρμόζονται σε ποικίλες περιβαλλοντικές συνθήκες, έχοντας την ικανότητα αρμονικής συνύπαρξης σε διάφορα περιβάλλοντα. Κατά τη διάρκεια της εξέλιξης, τα λειτουργικά χαρακτηριστικά αντανακλούν τον τρόπο με τον οποίο τα μικρόβια ανταποκρίθηκαν και

προσαρμόστηκαν στις μεταβολές των πόρων και στις στρεσογόνες συνθήκες [39]. Ορισμένοι παράγοντες, όπως το pH και η αναλογία άνθρακα προς άζωτο (C:N) του εδάφους, η θερμοκρασία και οι ετήσιες βροχοπτώσεις, αποτελούν τους κύριους παράγοντες που καθορίζουν τη δομή και τη λειτουργία των μικροβίων [40]. Τα βακτήρια που είναι προσαρμοσμένα σε κάθε ενδιαίτημα, μοιράζονται ορισμένα λειτουργικά χαρακτηριστικά, αλλά διαφέρουν σε κάποια άλλα, όπως στη μεταβολική τους δραστηριότητα, την περιεκτικότητα σε GC, τον αριθμό των αντιγράφων του γονιδίου 16S rRNA (rrn copies) που διαθέτουν, καθώς και στο μέγιστο ρυθμό ανάπτυξης.

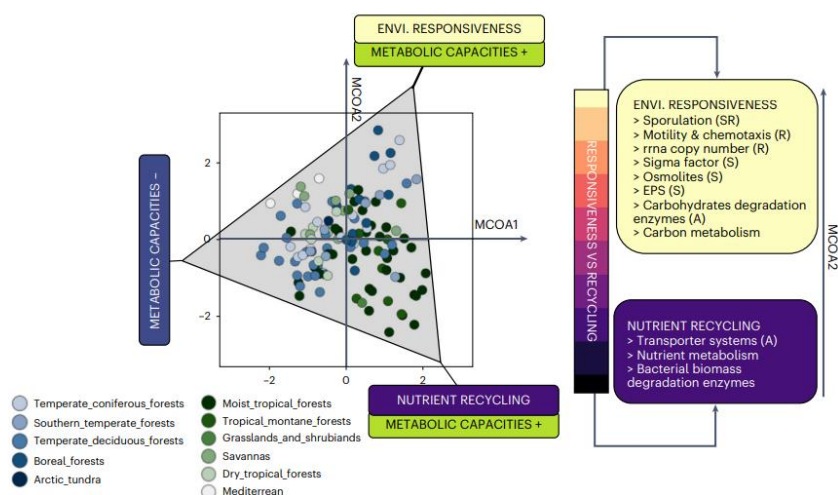
Η προσαρμογή αυτή στα ενδιαίτημά τους, σχετίζεται στενά με την προσθήκη επιγενετικών πληροφοριών στις βακτηριακές νουκλεοτιδικές αλληλουχίες, προκειμένου να αποκτήσουν την ικανότητα να διατηρούν σταθερές τις βασικές λειτουργίες της ζωής, όπως είναι ο κυτταρικός κύκλος, η αποκατάσταση της φαινοτυπικής ευελιξίας μετά από ένα γεγονός που μειώνει δραστικά τον πληθυσμό, συχνά με αντιστρέψιμο τρόπο [41]. Η κατανόηση της επιστημονικής κοινότητας όσον αφορά την επιγενετική ρύθμιση στα βακτήρια είναι περιορισμένη συγκριτικά με τις γνώσεις που έχουμε για τον άνθρωπο [42]. Ωστόσο, γνωρίζουμε ότι στα βακτήρια οι επιγενετικές τροποποιήσεις που προκύπτουν μετά από κάποιας μορφής στρες αφορούν κυρίως τροποποιήσεις του DNA, όπως η μεθυλίωση, οι τροποποιήσεις των ιστονών και οι μεταβολές της χρωματίνης [43], χωρίς να πραγματοποιούνται αλλαγές στην αλληλουχία του DNA [44], οι οποίες μπορούν να μείνουν αναλλοίωτες στον χρόνο και να κληρονομηθούν από γενιά σε γενιά, διαμορφώνοντας με αυτό τον τρόπο μία επιγενετική μνήμη προσαρμογής σε δύσκολες συνθήκες [45]. Αντιθέτως, κάποιες φορές τα βακτήρια υιοθετούν μία στρατηγική αποφυγής μεταλλάξεων, επειδή οι μεταλλάξεις στην πλειοψηφία τους είναι επιβλαβείς και η συσσώρευσή τους εντός των πληθυσμών μπορεί να μειώσει τη φυσική κατάσταση των ατόμων που τον αποτελούν [41].

Η μεταβολική ικανότητα σχετίζεται στενά με το μέγεθος του γονιδιώματος, διότι αυξανόμενου του μεγέθους του γονιδιώματος, τόσο περιπλοκότερος είναι ο βακτηριακός μεταβολισμός. Παραδείγματος χάρη, τα βακτήρια που διαθέτουν μικρού μεγέθους γονιδιώματα έχουν μεγάλη αφθονία σε γονίδια που είναι απαραίτητα για τον πρωτογενή μεταβολισμό, σε αντίθεση με βακτήρια με μεγαλύτερο μέγεθος γονιδιώματος που διαθέτουν γονίδια για πιο σύνθετες διεργασίες, όπως την αποικοδόμηση σύνθετων πολυσακχαριτών και την παραγωγή δευτερογενών μεταβολιτών. Επιπλέον, ως απόδειξη της μεταβολικής προσαρμογής στις περιβαλλοντικές καταπονήσεις, υπάρχει μία αλληλεπίδραση μεταξύ επιγενετικής και μεταβολισμού, κυρίως επειδή πολλοί πρωτογενείς και δευτερογενείς μεταβολίτες μεταβάλλονται ως αμυντική απόκριση στο στρες [44]. Συμπερασματικά, όταν τα βακτήρια έχουν έναν πιο πολύπλοκο μεταβολισμό μπορούν να αποκτήσουν αντοχή στις περιβαλλοντικές καταπονήσεις, να έχουν ταχύτερη ανάπτυξη (rrn copies), δυνατότητα ρύθμισης της δραστηριότητας καθώς και κατασκευής και επιδιόρθωσης της κυτταρικής μεμβράνης [40].

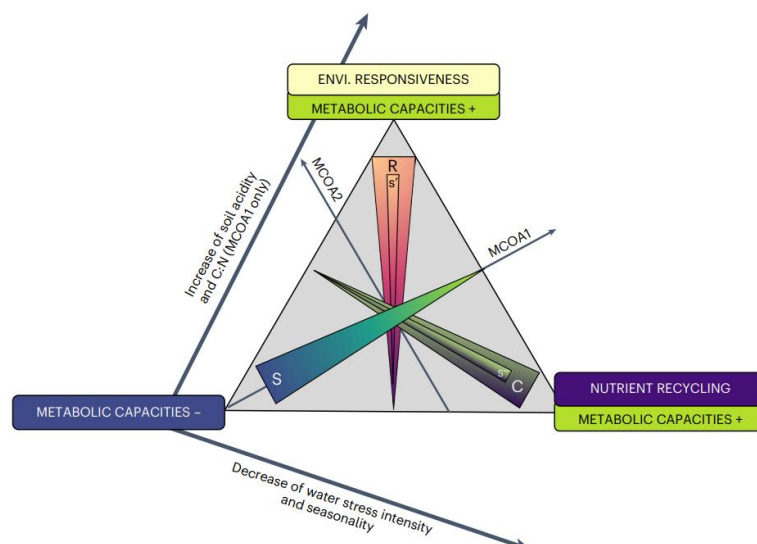


Εικόνα 4. Η διαφοροποίηση στις μεταβολικές ικανότητες συναρτήσει του μεγέθους του γονιδιώματος [40]

Ορισμένα άλλα βακτήρια είναι προσανατολισμένα στην ανακύκλωση των θρεπτικών συστατικών, με μεγάλη ποσότητα μεταφορέων και ανακύκλωση βακτηριακής βιομάζας, ενώ ταυτόχρονα παρουσιάζουν αυξημένη προσαρμογή στο μεταβολισμό αζώτου και φωσφόρου συγκριτικά με του άνθρακα [40]. Η προσαρμογή ως απόκριση στα μεταβαλλόμενα επίπεδα θρεπτικών συστατικών υποδηλώνει ότι αυτοί οι μικροοργανισμοί μπορεί να έχουν υποστεί επιγενετικές τροποποιήσεις. Ο ανταγωνισμός για τα θρεπτικά συστατικά στη ριζόσφαιρα, σε συνδυασμό με τα εκκρίματα της ρίζας για τον χημικό μετασχηματισμό και τη μικροβιακή δραστηριότητα, αναδεικνύει τον ενεργό ρόλο των βακτηρίων στην προσαρμογή του εδάφους στις μεταβαλλόμενες περιβαλλοντικές συνθήκες, συμπεριλαμβανομένης της κλιματικής αλλαγής [46]. Επιπλέον, τα βακτήρια με υψηλή περιεκτικότητα σε GC στο γονιδίωμά τους επιβιώνουν σε ενδιαιτήματα με μεγάλη αφθονία θρεπτικών συστατικών και έτσι τα βακτήρια διαχωρίζονται σε εκείνα που αναπτύσσονται παρουσία πληθώρας θρεπτικών (copiotrophs) και σε εκείνα που δεν χρειάζονται μεγάλη συγκέντρωση θρεπτικών για να αναπτυχθούν (oligotrophs) [39, 40, 47]. Συμπερασματικά, τα εδαφικά μικρόβια αλληλεπιδρούν μεταξύ τους και με τα φυτά με ποικίλους τρόπους, συμβάλλοντας στη διατήρηση και το σχηματισμό διαφόρων συστατικών του οικοσυστήματος, ενώ ταυτόχρονα επηρεάζουν κρίσιμες διεργασίες, όπως η σύνθεση της φυτικής κοινότητας και η μεταλλοποίηση [48].

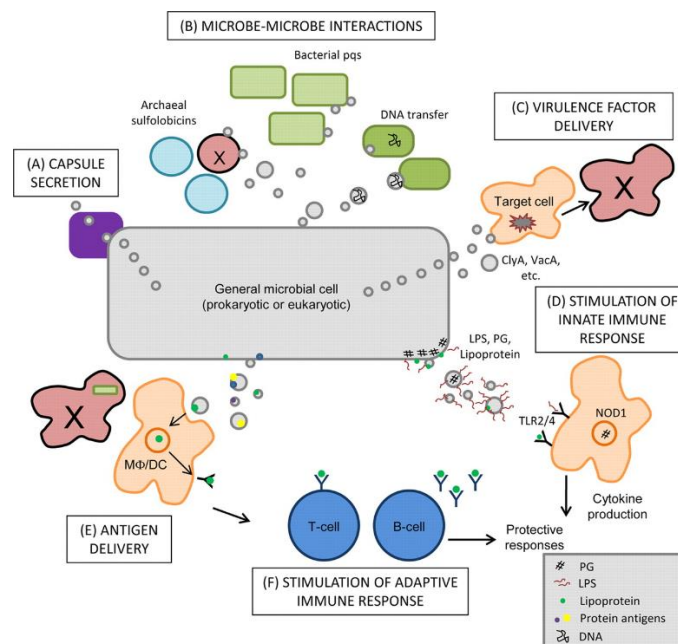


Εικόνα 5. Οι διαφορετικές στρατηγικές επιβίωσης των βακτηρίων σχετιζόμενες με τις μεταβολικές τους ικανότητες και τον τύπο του ενδιαιτήματός τους στον παγκόσμιο χάρτη [40]



Εικόνα 6. Οι διαφορετικές στρατηγικές επιβίωσης των βακτηρίων κατά την εξέλιξη [40]

Επιπρόσθετα, ένα ακόμη μέσο προσαρμογής των βακτηρίων στα διαφορετικά ενδιαιτήματα είναι τα εξωκυτταρικά κυστίδια που παράγουν. Είναι γνωστό ότι εκτός από τα ευκαρυωτικά κύτταρα, στα οποία έχει πραγματοποιηθεί εκτενής μελέτη, τα προκαρυωτικά κύτταρα (και συγκεκριμένα τα αρνητικά κατά Gram βακτήρια και τα αρχαία) παράγουν επίσης εξωκυτταρικά κυστίδια (EVs) στην επιφάνεια των κυττάρων τους, τα οποία έχουν συνήθως διάμετρο 20-200 nm και αποτελούνται από εξωμεμβρανικές πρωτεΐνες, λιποπολυσακχαρίτη (LPS), εξωμεμβρανικά λιπίδια, περιπλασματικές πρωτεΐνες, κυτταροπλασματικές πρωτεΐνες, DNA, RNA κ.ά. [49]. Η έκκριση των κυστιδίων τούς προσδίδει ευελιξία στα περιβαλλοντικά ερεθίσματα [50], ενώ παράλληλα παίζουν πολύ σημαντικό ρόλο στην αλληλεπίδραση τόσο μεταξύ βακτηρίων, όσο και μεταξύ των βακτηρίων και του ξενιστή τους. Επομένως, συμβάλλουν στην επιβίωση των βακτηρίων, στον σχηματισμό βιοφίλμ, στην οριζόντια γονιδιακή μεταφορά, στην απόκριση στο στρες, στην αφομοίωση των θρεπτικών συστατικών, στην ανθεκτικότητα στα αντιβιοτικά και στην ανοσοαπόκριση στα παθογόνα [51]. Ακόμη, έχει βρεθεί ότι τα βακτήρια, μέσω των EVs που εκκρίνουν, απελευθερώνουν σηματοδοτικά μόρια που είναι υπεύθυνα για το Quorum sensing, (QS) [50] που όπως αναφέρθηκε και παραπάνω αποτελεί ένα μέσο επικοινωνίας μεταξύ των βακτηρίων που βοηθά στην πραγματοποίηση πολλών σημαντικών για αυτά διεργασιών.



Εικόνα 7. Το βιολογικό αντίκτυπο της έκκρισης των εξωκυτταρικών κυστιδίων (EVs) από τα βακτήρια και τα αρχαία [50]

1.4 Προσαρμογή στις κλιματικές αλλαγές και επιγενετικές τροποποιήσεις

Λαμβάνοντας υπόψη ότι το παγκόσμιο κλίμα μεταβάλλεται με ταχείς ρυθμούς, με προβλεπόμενη αύξηση της μέσης παγκόσμιας επιφανειακής θερμοκρασίας της Γης κατά 2.6- 4.8 °C μέχρι το 2100 [52], αναμένεται να υπάρξει έντονος αντίκτυπος στη συγκρότηση του εδαφικού μικροβιώματος, εξαιτίας του γεγονότος ότι τα βακτήρια του εδάφους επηρεάζονται άμεσα όχι μόνο από τις κλιματικές συνθήκες, αλλά και έμμεσα από τις μεταβολές στην φυσιολογία, την μορφολογία, τη ριζική έκκριση και την ανοσολογική απόκριση των φυτών [53]. Επειδή τα εδαφικά μικρόβια θεωρούνται μέτριοι διασπορείς της οργανικής ύλης, η αντίδρασή τους στην κλιματική αλλαγή είναι διαφορετική σε σύγκριση με τα φυτά, ωστόσο αυτή η διαφορά μπορεί να επηρεάσει την παραγωγικότητα των φυτών, την εγκατάσταση νέων φυτικών ειδών, αλλά και τις μεταξύ τους αλληλεπιδράσεις. Επομένως, το μικροβίωμα του εδάφους θα πρέπει να ενισχύσει την αντοχή του τόσο έναντι βιοτικών, όσο και αβιοτικών καταπονήσεων και ταυτόχρονα να αυξήσει τη συγκέντρωση των θρεπτικών συστατικών που απορροφώνται από τα φυτά, κυρίως μέσω επιγενετικών τροποποιήσεων που προκαλούνται από το στρες [44]. Η σταθερότητα των βακτηρίων αξιολογείται συνήθως με τη χρήση τριών πρωταρχικών μέτρων: την αντοχή (την ικανότητα να παραμένουν αναλλοίωτα κατά τη διάρκεια μιας διαταραχής), την ανθεκτικότητα (την ικανότητα ανάκαμψης σε σταθερή κατάσταση) και τον λειτουργικό πλεονασμό (τη διατήρηση των λειτουργικών προφίλ ανεξάρτητα από τις ταξινομικές αλλαγές). Πιο συγκεκριμένα, η ανθεκτικότητα μετράται από τις αλλαγές στην κοινότητα ή τις αλλαγές στο λειτουργικό προφίλ υπό στρες και έχει αποδειχθεί ότι υπό τον περιορισμό του εδαφικού νερού επηρεάζονται κυρίως τα *Proteobacteria*, με αποτέλεσμα να αυξάνονται σε πληθυσμό τα άλλα βακτηριακά φύλα, όπως τα *Actinobacteria* και/ή τα *Firmicutes*. Επιπλέον, κατά την πρόβλεψη του αντικτύπου του στρες στις βιογεωχημικές διεργασίες που σχετίζονται με την μεταλλοποίηση του άνθρακα και του αζώτου, είναι σημαντικό να λαμβάνονται υπόψη οι μικροβιακές αντιδράσεις, διότι ορισμένοι στρεσογόνοι περιβαλλοντικοί παράγοντες μπορούν να εμπεδώσουν την ανακύκλωση του άνθρακα μειώνοντας τη μεταβολική τους ποικιλομορφία ή περιορίζοντας τη μικροβιακή απορρόφηση

του άνθρακα [54, 55]. Με τον ίδιο τρόπο, η ανθεκτικότητα αξιολογείται μέσω των ταξινομικών και λειτουργικών προφίλ, αφού τα διαφορετικά φύλα εμφανίζουν ποικιλομορφία στους ρυθμούς ανάκαμψης, με τους *Planctomycetes* και τα *Acidobacteria* να ανακάμπτουν ταχύτερα μετά από αύξηση της θερμοκρασίας του εδάφους συγκριτικά με τα *Actinobacteria* ή τα *Verrucomicrobia*. Αυτά τα πρότυπα ανθεκτικότητας έχουν αντίκτυπο στις διαδικασίες ανακύκλωσης του άνθρακα, λόγω των διαφορετικών χαρακτηριστικών ανάπτυξης και αφομοίωσης μεταξύ των ταξινομικών ομάδων. Τέλος, τα λειτουργικά προφίλ μπορεί να παρουσιάζουν αντίσταση ή ανθεκτικότητα υπό την επίδραση στρες, ακόμη και όταν αλλάζει η ταξινομική σύνθεση [55]. Συλλογικά, είναι σαφές ότι οι μικροβιακές κοινότητες και συμβιώτες θα μπορούσαν να είναι κρίσιμα στοιχεία που υποστηρίζουν την επιβίωση του ξενιστή και διευκολύνουν την ταχεία προσαρμογή στις περιβαλλοντικές διαταραχές [56].

Οι πυρκαγιές, είναι ένα επιπλέον πρόβλημα που οφείλεται στην κλιματική αλλαγή, η οποία διαταράσσει το οικοσύστημα, καθώς ετησίως καίγεται το 2-3% της χερσαίας έκτασης της Γης [57]. Υπό αυτές τις συνθήκες, η επιβίωση των βακτηρίων του εδάφους εξαρτάται από τη θερμοκρασία και τη διάρκεια θέρμανσης και έχουν αποκτήσει στρατηγικές επιβίωσης, όπως είναι ο λήθαργος, η υψηλή περιεκτικότητα σε GC στο γονιδίωμά τους, καθώς και οι πρωτεΐνες θερμικού σοκ. Ο λήθαργος είναι μία φυσιολογική κατάσταση που χαρακτηρίζεται επίσης και ως βαθύς «ύπνος», στην οποία εισέρχονται τα βακτήρια κατά τη σταδιακή αντιμετώπιση ενός κατά τα άλλα θανατηφόρου στρες (όπως είναι η πυρκαγιά) και περιλαμβάνει μία αξιοσημείωτη μείωση τόσο του ρυθμού ανάπτυξης, όσο και της μεταβολικής δραστηριότητας. Όπως αναφέρθηκε και προηγουμένως, τα βακτήρια σχηματίζουν μία επιγενετική μνήμη, ως αποτέλεσμα της προσαρμογής τους σε μία περιβαλλοντική συνθήκη και έτσι όταν τα βακτήρια απελευθερώνονται από τον λήθαργο, διατηρούν σε κάποια κύτταρά τους ορισμένα επιγενετικά χαρακτηριστικά και προάγουν την ανοχή [42], προκειμένου να είναι σε ετοιμότητα για μία μελλοντική παρόμοια απειλή. Τα βακτήρια που διαθέτουν αυξημένα αντίγραφα *rrn* (*rrn* copies) και γρήγορους ρυθμούς ανάπτυξης, μπορούν να εμφανίσουν ένα ανταγωνιστικό πλεονέκτημα στην προσαρμογή στην αυξημένη διαθεσιμότητα θρεπτικών συστατικών που ακολουθεί μία πυρκαγιά. Ο λήθαργος σχετίζεται με την οικολογική λειτουργία των αποθεμάτων σπόρων σε οικοσυστήματα που είναι επιρρεπή σε πυρκαγιές και στο γεγονός ότι ορισμένα βακτηριακά φύλα, όπως τα *Actinobacteria* διαθέτουν γονίδια που σχετίζονται με τη σποροποίηση που τους δίνουν την ικανότητα να επιβιώνουν μετά από σοβαρά εγκαύματα. Επιπλέον, μετά από μία πυρκαγιά, παρατηρείται ακραία μεταβολή του pH και της οργανικής ύλης του εδάφους. Για το λόγο αυτό, εξετάζεται κατά πόσο τα βακτήρια του εδάφους έχουν τη δυνατότητα να αποικοδομήσουν την τροποποιημένη από τη φωτιά οργανική ύλη αφού εξαντληθεί ο εύκολα αποικοδομήσιμος άνθρακας που απελευθερώνεται από τις πυρκαγιές, όπως για παράδειγμα τα νεκρά μικρόβια και οι λεπτές ρίζες, αλλά πριν αποκατασταθούν οι νέες εισροές από τη βλάστηση στα επίπεδα που ήταν προ της πυρκαγιάς [58].

Οι υδρολογικές διακυμάνσεις, που οφείλονται επίσης στην κλιματική αλλαγή, οι οποίες αυξάνουν τη συχνότητα και την ένταση των πλημμυρών στο έδαφος, θέτουν σημαντικές απειλές για τη σταθερότητα και την παραγωγικότητα των οικοσυστημάτων [59]. Επιπλέον, ασκούν σημαντικές επιδράσεις στην ποικιλότητα και τη σύνθεση των βακτηριακών κοινοτήτων του εδάφους, εξαιτίας του γεγονότος ότι οι εδαφικές πλημμύρες εναποθέτουν στάσιμο νερό και ιζήματα στην επιφάνεια του εδάφους, προκαλώντας τοπική μείωση του οξυγόνου, με αποτέλεσμα να εγκλωβίζεται η ανταλλαγή οξυγόνου (O_2) και διοξειδίου του άνθρακα (CO_2) και να μειώνεται η ένταση του φωτός [60]. Εφόσον οι μικροοργανισμοί του εδάφους μπορούν να αντέξουν τις μεταβολές αυτών των συνθηκών, η πλημμύρα του εδάφους μπορεί να μεταβάλλει προσωρινά την ποικιλομορφία και τη σύνθεση της εκτεθειμένης μικροβιακής κοινότητας της ριζόσφαιρας, οδηγώντας σε αλλαγές στη μικροβιακή

βιομάζα και την παρουσία διαφόρων μικροβιακών ομάδων. Επιπλέον, έχει αναφερθεί ότι η εδαφική κατάκλιση μπορεί να οδηγήσει στην ακινητοποίηση ιχνοστοιχείων, όπως ο χαλκός (Cu), αυξάνοντας έτσι την περιεκτικότητα του χαλκού στο έδαφος και επηρεάζοντας την ποικιλότητα των εδαφικών μικροβίων. Οι άμεσες επιπτώσεις των υδρολογικών διεργασιών στα βακτήρια του εδάφους μπορεί να εξαρτώνται άμεσα από τα βακτηριακά αναπνευστικά χαρακτηριστικά, αντανακλώντας τις προσαρμοστικές στρατηγικές που σχετίζονται με τις αναπνευστικές ιδιότητες, όπως αερόβια, αναερόβια, προαιρετικά αναερόβια, μικροαερόφιλα, καθώς και τις βιοτικές αλληλεπιδράσεις μεταξύ των βακτηριακών ταξινομικών ομάδων. Η προσαρμοστικότητα των προαιρετικά αναερόβιων βακτηρίων τους επιτρέπει να ευδοκιμούν τόσο σε περιβάλλοντα που είναι πλούσια σε οξυγόνο, όσο και σε περιβάλλοντα με έλλειψη οξυγόνου, σχηματίζοντας ένα βιοφίλμ, δηλαδή μία βασική στρατηγική για την εδραίωση της παρουσίας τους σε μια οικολογική θέση. Το βιοφίλμ προσφέρει πλεονεκτήματα, όπως θωράκιση έναντι φυσικών και χημικών προκλήσεων και παρατεταμένη περιβαλλοντική αντοχή. Στο υποξικό περιβάλλον του πλημμυρισμένου εδάφους, ο σχηματισμός βιοφίλμ προσφέρει σημαντικό πλεονέκτημα για επιβίωση, και παρόλο που το βιοφίλμ δεν έχει ακόμη συνδεθεί με επιγενετικές τροποποιήσεις, μια πρόσφατη μελέτη αποκάλυψε ότι όταν η DNA μεθυλοτρανσφεράση N6- αδενίνης ModA2 στον *Haemophilus influenzae* είναι ενεργοποιημένη, προωθεί τον σχηματισμό βιοφίλμ και ταυτόχρονα μειώνει ορισμένες διεργασίες που συμβαίνουν σε συνθήκες χαμηλού οξυγόνου [61]. Τέλος, οι έμμεσες επιπτώσεις μπορεί να μεταβάλλουν τη σύνθεση των βακτηρίων του εδάφους μέσω ανταγωνιστικών διεργασιών για την πρόσληψη θρεπτικών συστατικών, τροποποιήσεων στην ποιότητα και την ποσότητα των εισροών άνθρακα που προέρχονται από τα φυτά ή άλλες οδούς [59, 62].

2. Μέθοδοι

2.1 Δημιουργία βιβλιοθήκης βακτηρίων της ριζόσφαιρας

Έπειτα από αναζήτηση στη βιβλιογραφία [40] και με αφορμή τις διαφορετικές στρατηγικές επιβίωσης που έχουν αναπτύξει τα διαφορετικά βακτηριακά γένη, ανάλογα με το ενδιαίτημα στο οποίο αναπτύσσονται και τις διαφορετικές περιβαλλοντικές συνθήκες που επικρατούν στο κάθε ένα από αυτά, καθώς και τις επιγενετικές τροποποιήσεις που έχουν υποστεί, δημιουργήθηκε μία βάση δεδομένων από τα κυριότερα βακτήρια σε επίπεδο γένους που αποτελούν το μικροβίωμα της ριζόσφαιρας διαφόρων φυτικών ειδών. Πιο συγκεκριμένα, πραγματοποιήθηκε αναζήτηση σε πρόσφατες σχετικές έρευνες που αφορούσαν τη μελέτη του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας των παρακάτω φυτικών ειδών: ελιά, αμπέλι, πορτοκάλι, αγγούρι, πατάτα, αρακάς, ρύζι, τομάτα, σιτάρι, μανταρίνι και πεπόνι [63-74] και καταγράφηκαν τα βακτήρια σε επίπεδο γένους που εμφανίζονται σε μεγαλύτερη αφθονία. Η επιλογή των συγκεκριμένων φυτικών ειδών βασίστηκε στην οικονομική σημασία των καλλιεργειών τους. Στη συνέχεια, παρατίθενται οι αντίστοιχοι πίνακες (Πίνακας 1-11) με τη λίστα των βακτηρίων.

Πίνακας 1. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του αγγουριού.

Plants	Phyla	Class	Genus
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Serratia</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Olivibacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhizobium</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingomonas</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Inquilinus</i>
Cucumber	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Variovorax</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Chitinophaga</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Lysobacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Acinetobacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	<i>Geobacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Comamonas</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Dyella</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Brucella</i>
Cucumber	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Burkholderia</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudomonas</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Stenotrophomonas</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Chryseobacterium</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Sphingobacterium</i>
Cucumber	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Kutzneria</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Mucilaginibacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Phenylobacterium</i>
Cucumber	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Massilia</i>
Cucumber	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Catenulispora</i>

Cucumber			<i>unidentified_chloroplast</i>
Cucumber	Acidobacteria	Acidobacteriia	<i>Granulicella</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Cellvibrio</i>
Cucumber	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Arachidicoccus</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Chujaibacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Rhodanobacter</i>
Cucumber	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Asticcacaulis</i>

Πίνακας 2. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του μανταρινιού

Plants	Phyla	Class	Genus
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	13-2-20CM-68-14
Mandarin	Nitrospirota	Nitrospira	2-02-FULL-62-14
Mandarin	Methylomirabilota	Methylomirabilia	2-02-FULL-66-22
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	20CM-2-55-15
Mandarin	Acidobacteria	Vicinamibacteria	2-12-FULL-66-21
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	3-1-20CM-4-69-9
Mandarin	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	40CM-2-70-7
Mandarin	Dormibacterota	Dormibacteria	40CM-4-65-16
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	4M-Z18
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	62-47
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	66-474
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	AC-16
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	AC-43
Mandarin	Actinobacteria	UBA4738	AC-67
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Acidobacterium
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Actinoplanes
Mandarin	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	AG11
Mandarin	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	AG25
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Allosphingosinicella
Mandarin	Methylomirabilota	Methylomirabilia	AR44
Mandarin	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	AV40
Mandarin	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	AV55
Mandarin	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	AV69
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	AWTP1-13
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Bog-105
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Bog-257
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Bog-366
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Bog-532
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	BOG-930
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	BOG-935
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Bryocella

Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	C1-9
Mandarin	Patescibacteria	Paceibacteria	C7867-001
Mandarin	Chloroflexota	Ktedonobacteria	CF-113
Mandarin	Dormibacterota	Dormibacteria	CF-13
Mandarin	Chloroflexota	UBA6077	CF-72
Mandarin	Dormibacterota	Dormibacteria	CF-96
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	Chitinophaga
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	Chryseolinea
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Croceibacterium
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cupriavidus
Mandarin	Chloroflexota	Ktedonobacteria	Dictyobacter
Mandarin	Desulfobacterota	Binatia	DP-1
Mandarin	Desulfobacterota_B	Binatia	DP-6
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	FEN-1191
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	FW021-bin31
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	FW021-bin31
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	FW021-bin43
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	Ga0077541
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Gp1-AA122
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Gp1-AA133
Mandarin	Acidobacteria	Vicinamibacteria	Gp6-AA45
Mandarin	Acidobacteria	Vicinamibacteria	Gp6-AA56
Mandarin	Acidobacteria	Thermoanaerobaculia	Gp7-AA6
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Granulicella
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Intrasporangium
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Jatrophihabitans
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Koribacter
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Kribbella
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	MA-N2
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Methyloceanibacter
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Methylovirgula
Mandarin	Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Microcoleus
Mandarin	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Mucilaginibacter
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Mycobacterium
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Nakamurella
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Nitrosoglobus
Mandarin	Nitrospirota	Nitrospira	Nitrospira
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Nocardioides
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Novosphingobium
Mandarin	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutus
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	PALSA-1003
Mandarin	Chloroflexota	Ellin6529	Palsa-1032
Mandarin	Myxococcota	Polyangia	Palsa-1150
Mandarin	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Palsa-1248

Mandarin	Planctomycetota	Planctomycetes	PALSA-1347
Mandarin	Verrucomicrobiota	Chlamydiia	PALSA-1444
Mandarin	Eremiobacterota	Eremiobacteria	PALSA-1529
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	PALSA-270
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Palsa-295
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	PALSA-350
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	Palsa-465
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Palsa-504
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Palsa-506
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	PALSA-600
Mandarin	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Palsa-601
Mandarin	Actinobacteria	Acidimicrobiia	PALSA-610
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	PALSA-612
Mandarin	Actinobacteria	Acidimicrobiia	PALSA-693
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	Palsa-739
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Palsa-883
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Palsa-89
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	Palsa-955
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pandoraea
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Phenylobacterium
Mandarin	Acidobacteria	Blastocatellia	PSRF01
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	QHCE01
Mandarin	Acidobacteria	Thermoanaerobaculia	QHVT01
Mandarin	Actinobacteria	Acidimicrobiia	RAAP-2
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	RH2-MAG17b
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	RH-AL1
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Rhizobacter
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodopila
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Root112D2
Mandarin	Myxococcota	Myxococcia	RPRB01
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Rudaea
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	SCQP01
Mandarin	Eremiobacterota	Eremiobacteria	SCRA01
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	SCRD01
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	SCTM01
Mandarin	Planctomycetota	Planctomycetes	Singulisphaera
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	SLSW01
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Solibacter
Mandarin	Chloroflexota	Chloroflexia	Sphaerobacter
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonas
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Streptacidiphilus
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	Streptomyces
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Sulfopaludibacter
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Sulfotelmatobacter

Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	SWB02
Mandarin	Tectomicrobia	Entothoonellia	SXND01
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	Terracidiphilus
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	TOLSYN
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	UBA11063
Mandarin	Chloroflexota	Ktedonobacteria	UBA11361
Mandarin	Chloroflexota	Anaerolineae	UBA12294
Mandarin	Chloroflexota	UBA4733	UBA4733
Mandarin	Patescibacteria	Saccharimonadia	UBA5150
Mandarin	Acidobacteria	Thermoanaerobaculia	UBA5704
Mandarin	Acidobacteria	Acidobacteriae	UBA7541
Mandarin	Myxococcota	UBA9160	UBA9160
Mandarin	Chloroflexota	Dehalococcoidia	UCB2
Mandarin	Actinobacteria	Actinomycetia	UICC-B-83
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	URHD0088
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	UTBCD1
Mandarin	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Variovorax
Mandarin	Actinobacteria	Thermoleophilia	VAXT01
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	VAZQ01
Mandarin	Bacteroidetes	Bacteroidia	VBAT01
Mandarin	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	VBCK01
Mandarin	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Xiphinematobacter
Mandarin	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Z2-YC6860

Πίνακας 3. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του πεπονιού

Plants	Phyla	Class	Genus
Melon	Acidobacteria	Acidobacteriia	<i>Bryobacter</i>
Melon	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Pseudarthrobacter</i>
Melon	Actinobacteria	Rubrobacteria	<i>Rubrobacter</i>
Melon	Actinobacteria	Rubrobacteria	<i>Uncultured Gaiellales</i>
Melon	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Arthrobacter</i>
Melon	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Unknown Geodermatophilaceae</i>
Melon	Actinobacteria		<i>CL500 29 marine group</i>
Melon	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Streptomyces</i>
Melon	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Flavisolibacter</i>
Melon	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Adhaeribacter</i>
Melon	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Pontibacter</i>
Melon	Chloroflexota	Anaerolineae	<i>uncultured Anaerolineaceae</i>
Melon	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus</i>
Melon	Firmicutes	Bacilli	<i>Aeribacillus</i>
Melon	Firmicutes	Bacilli	<i>Domibacillus</i>
Melon	Gemmatimonadetes		<i>uncultured Gemmatimonadaceae</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingomonas</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Microvirga</i>
Melon	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudomonas</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>unknown Sphingomonadales</i>
Melon	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Halomonas</i>
Melon	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Limnobacter</i>
Melon	Proteobacteria		<i>Skermanella</i>
Melon	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Denitratisoma</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Pseudahrensia</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>unknown Phyllobacteriaceae</i>
Melon	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>incultured Nitrosomonadaceae</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Porphyrobacter</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingopyxis</i>
Melon	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rubellimicrobium</i>

Πίνακας 4. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού της ελιάς

Plants	Phyla	Class	Genus
Olive	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingomonas</i>
Olive	Actinobacteria	Thermoleophilia	<i>Solirubrobacter</i>
Olive	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Streptomyces</i>
Olive	Chloroflexota	Unknown	<i>Chloroflexi</i>
Olive	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Bradyrhizobium</i>
Olive	Unknown	Unknown	<i>Planococcaceae</i>
Olive	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Blastococcus</i>
Olive	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Steroidobacter</i>
Olive	Proteobacteria	Myxococcota	<i>Archangium</i>
Olive	Actinobacteria	Actinobacteria	<i>Pseudarthrobacter</i>

Πίνακας 5. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του αρακά

Plants	Phyla	Class	Genus
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Rhodococcus</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Brachybacterium</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Curtobacterium</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Microbacterium</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Kocuria indica</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Kocuria assamensis</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Micrococcus endophyticus</i>
Pea	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Oerskovia</i>
Pea	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus</i>
Pea	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus</i>
Pea	Firmicutes	Bacilli	<i>Staphylococcus warneri</i>
Pea	Firmicutes	Bacilli	<i>Enterococcus</i>
Pea	Firmicutes	Bacilli	<i>Leuconostoc</i>
Pea	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Ochrobactrum</i>
Pea	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Raoultella</i>
Pea	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Erwinia</i>
Pea	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pantoea</i>
Pea	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudomonas</i>

Πίνακας 6. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του πορτοκαλιού

Plants	Phyla	Class	Genus
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Achromobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Acidomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Acidovorax</i>
Orange	Bacteroidetes	Bacteroidia	<i>Aequorivita</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Agrobacterium</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Alcaligenes</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Alcanivorax</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Alicyclophilus</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Aminobacter</i>
Orange	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Aquimarina</i>
Orange			<i>Aquitalea</i>
Orange	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Arcticibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Arsukibacterium</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Azotobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Bartonella</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Blastomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Bordetella</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Bosea</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Brucella</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Burkholderia</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Buttiauxella</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Caballeronia</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Catenovulum</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Caulobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Cedecea</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Celeribacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Cellvibrio</i>
Orange	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Chitinophaga</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Collimonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Comamonas</i>
Orange	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Cryocola</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Cupriavidus</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Curvibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Dasania</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Dechloromonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Deefgea</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Delftia</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Derxia</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Devosia</i>

Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Dokdonella</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Duganella</i>
Orange	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Dyadobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Dyella</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Endozoicomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Ensifer</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Enterobacter</i>
Orange	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Epilithonimonas</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Escherichia</i>
Orange	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Flavihumibacter</i>
Orange	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Flavobacterium</i>
Orange			<i>Flectobacillus</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Hahella</i>
Orange			<i>Haloferula</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Halotalea</i>
Orange	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Humibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Hydrogenophaga</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Hylemonella</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Hyphomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Kerstesia</i>
Orange			<i>Kosakonia</i>
Orange	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Leadbetterella</i>
Orange			<i>Leclercia</i>
Orange			<i>Lelliottia</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Luteibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Marinobacterium</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Marinomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Marinospirillum</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Maritimibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Martelella</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Massillia</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Mesorhizobium</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Methylobacillus</i>
Orange			<i>Methylothena</i>
Orange			<i>Methylovorus</i>
Orange	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Microbacterium</i>
Orange	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Mucilaginibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Neorhizobium</i>
Orange	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Niastella</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Novosphingobium</i>
Orange			<i>Oblitimonas</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Ochrobactrum</i>
Orange	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Olivibacter</i>

Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Ottowia</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Paraburkholderia</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Paramesorhizobium</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pectobacterium</i>
Orange	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Pedobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Phenyllobacterium</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Phyllobacterium</i>
Orange			<i>Pseudacidovorax</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Pseudaminobacter</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Pseudochrobactrum</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Pseudoduganella</i>
Orange			<i>Pseudohalaea</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudomonas</i>
Orange			<i>Pseudorhodoferrax</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudoxanthomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Ralstonia</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Reyranella</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Rheinheimera</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhizobium</i>
Orange	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Rhodococcus</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Roseateles</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Rudaea</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Shimia</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Shinella</i>
Orange			<i>Simplicispira</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sinorhizobium</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Sodalis</i>
Orange	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Solitalea</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Sphaerotilus</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingobium</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingopyxis</i>
Orange	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingorhabdus</i>
Orange			<i>Spongiibacter</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Stenotrophomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Steroidobacter</i>
Orange	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Terrimonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Variovorax</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Verminephrobacter</i>
Orange	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Weeksella</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Xanthomonas</i>
Orange	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Xenophilus</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Xenorhabdus</i>
Orange	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Yersinia</i>

Πίνακας 7. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού της πατάτας

Plants	Phyla	Class	Genus
Potato	Abditibacteriota	Abditibacteria	Abditibacterium
Potato	Acidobacteria	Acidobactiriae	Bryobacter
Potato	Acidobacteria	Blastocatellia	Aridibacter
Potato	Acidobacteria	Blastocatellia	Blastocatella
Potato	Acidobacteria	Blastocatellia	JGI_0001001-H03
Potato	Acidobacteria	Blastocatellia	Stenotrophobacter
Potato	Acidobacteria	Blastocatellia	RB41
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Luedemannella
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Ferruginibacter
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flaviaesturariibacter
Potato	Bacteroidetes	Chitinophagia	Flavisolibacter
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavitalea
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Segetibacter
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Adhaeribacter
Potato	Fibrobacterota	Fibrobacteria	possible_genus_04
Potato	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas
Potato	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Roseisolibacter
Potato	Nitrospirota	Nitrospira	Nitrospira
Potato	Planctomycetota	Planctomycetes	Pir4_lineage
Potato	Planctomycetota	Planctomycetes	Pirellula
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Nitrosospira
Potato	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Candidatus_Udaeobacte
Potato	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Opitutus
Potato	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	ADurb.Bin063-1
Potato	Acidobacteria	Vicinamibacteria	Luteitalea
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Glycomyces
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Intrasporangium
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Agromyces
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Promicromonospora
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Actinoplanes
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Aeromicrobium
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Kribbella
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Nocardoides
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Amycolatopsis
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Kibdelosporangium
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Lechevalieria
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Streptomyces
Potato	Actinobacteria	Actinomycetia	Nonomuraea
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Taibaiella

Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Rhodocytophaga
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	<i>Ohtaekwangia</i>
Potato	Bacteroidetes	Cytophagia	Dyadobacter
Potato	Bacteroidetes	Bacteroidia	Fluviicola
Potato	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacterium
Potato	Chloroflexi	Chloroflexia	Herpetosiphon
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Asticcacaulis
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Brevundimonas
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacter
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Devosia
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobium
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Ensifer
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Altererythrobacter
Potato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingobium
Potato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Variovorax
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Methylobacillus
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Duganella
Potato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Massilia
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudoduganella
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cellvibrio
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonas
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Arenimonas
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Luteimonas
Potato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudoxanthomonas
Potato	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Lacunisphaera
Potato	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Luteolibacter

Πίνακας 8. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του ρυζιού

Plants	Phyla	Class	Genus
Rice	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas
Rice	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Geobacter
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Rubrivivax
Rice	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonas
Rice	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Luteolibacter
Rice	Planctomycetes	Planctomycetia	Gemmata
Rice	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Methylomonas
Rice	Planctomycetes	Planctomycetia	Planctomyces
Rice	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Anaeromyxobacter
Rice	Spirochaetes	[Leptospirae]	Turneriella
Rice	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Anaeromyxobacter

Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Acidovorax
Rice	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Prostheco bacter
Rice	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Luteolibacter
Rice	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Prostheco bacter
Rice	Acidobacteria	Holophagae	Geothrix
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Dechloromonas
Rice	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Crenothrix
Rice	Bacteroidetes	[Saprospirae]	Haliscomenobacter
Rice	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas
Rice	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolinea
Rice	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolinea
Rice	Acidobacteria	Solibacteres	Candidatus_Solibacter
Rice	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodoplanes
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ramlibacter
Rice	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Kaistobacter
Rice	Acidobacteria	Acidobacteriia	Candidatus_Koribacter
Rice	Acidobacteria	Solibacteres	Candidatus_Solibacter
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Gallionella
Rice	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Kaistobacter
Rice	Acidobacteria	Solibacteres	Candidatus_Solibacter
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Azospira
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Dechloromonas
Rice	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Pleomorphomonas
Rice	Proteobacteria	Epsilonproteobacteria	Sulfuricurvum
Rice	Proteobacteria	Epsilonproteobacteria	Sulfuricurvum
Rice	Proteobacteria	Epsilonproteobacteria	Sulfuricurvum
Rice	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Pleomorphomonas
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Thiobacillus
Rice	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Thiobacillus
Rice	Actinobacteria	Actinobacteria	Streptacidiphilus

Πίνακας 9. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού της τομάτας

Plants	Phyla	Class	Genus
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Streptomyces</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Lentzea</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinoplanes</i>
Tomato	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Flavobacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudomonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingobium</i>
Tomato	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Chryseobacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Rhodococcus</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Dyadobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Massilia</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Kribbella</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Niastella</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Lysobacter</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Micromonospora</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhizobium</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Duganella</i>
Tomato	Actinobacteria		<i>Nonomuraea</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Microbacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Cellvibrio</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sinorhizobium</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Emticicia</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinobacteria</i>
Tomato	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Acidovorax</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Agrobacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Aquicola</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Burkholderia</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Methylobacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Arthrobacter</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Glycomyces</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Pseudoduganella</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Variovorax</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Acinetobacter</i>
Tomato	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Chryseobacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Phenylobacterium</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Ohtaekwangia</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Pelomonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Sphingomonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Escherichia</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Nitrosomonas</i>

Tomato			<i>uncultured Candidatus</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Aquabacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Couchioplanes</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Krasilnikovia</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Lechevalieria</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Mesorhizobium</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Methylophilus</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Methylotheria</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Nocardioides</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Pseudosporangium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Amycolatopsis</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Cytophagales</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Leifsonia</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Phytohabitans</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhizobiaceae</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Aeromicrobium</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Ideonella</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Klebsiella</i>
Tomato	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rickettsiales</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Salmonella</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Aeromonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Devosia</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Novosphingobium</i>
Tomato	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	<i>Pedobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Shinella</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Methylophilaceae</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Nocardia</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Buchnera</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Cellulomonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Comamonadaceae</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Dactylosporangium</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Enterobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Halomonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Hyphomicrobium</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Leptothrix</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Moraxellaceae</i>
Tomato	Actinobacteria	Nitriliruptoria	<i>Nitriliruptoraceae</i>
Tomato	Nitrospirota	Nitrospira	<i>Nitrospira</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Pseudoflavitalea</i>
Tomato	Actinobacteria		<i>Saccharothrix</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Schumannella</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Stenotrophomonas</i>

Tomato	Firmicutes	Bacilli	<i>Thermoactinomyces</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Undibacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Xanthomonas</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinomadura</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Agrococcus</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Agromyces</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Altererythrobacter</i>
Tomato			<i>Candidatus uncultured</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Caulobacter</i>
Tomato	Actinobacteria		<i>Desertiactinospora</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Ensifer</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Glaciecota</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Gynuricola</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Helicobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Janthinobacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Kibdelosporangium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Marmoricola</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Methylibium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Motilibacter</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Mycobacterium</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Nannocystis</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Paenarthrobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Piscinibacter</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Plantactinospora</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Polaromonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudoxanthomonas</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Salinibacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Actinomycetia	<i>Salinispora</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Shewanella</i>
Tomato	Bacteroidetes		<i>Sporocytophaga</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Achromobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Acidocella</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Acrocarpospora</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinosynnema</i>
Tomato	Firmicutes		<i>Acuticoccus</i>
Tomato	Firmicutes		<i>Aerococcus</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Afipia</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Alteromonadales</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Amnibacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Anaplasma</i>
Tomato	Bacteroidetes	Bacteroidia	<i>Ancylomarina</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Asanoa</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Azohydromonas</i>

Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Azospira</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Azotobacter</i>
Tomato	Firmicutes	Bacili	<i>Bacillales</i>
Tomato	Actinobacteria	Cytophagia	<i>Belliella</i>
Tomato	Firmicutes	Flavobacteriia	<i>Bergeyella</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Blastococcus</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Bosea</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Bradyrhizobium</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Brevundimonas</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Buttiauxella</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Catellatospora</i>
Tomato	Actinobacteria		<i>Catenuloplanes</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Cellulosimicrobium</i>
Tomato	Chloroflexi		<i>Chloroflexi</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Chromobacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Cryobacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Delftia</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Desulfovibrio</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Dongia</i>
Tomato	Firmicutes	Bacilli	<i>Enterococcus</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Erythrobacter</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Flavisolibacter</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Flexibacter</i>
Tomato	Actinobacteria		<i>Fluviicola</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Frankia</i>
Tomato	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Fulvivirga</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Georgenia</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Gilvimarinus</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Goodfellowiella</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Hoeflea</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Ilumatobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Inhella</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Lacibacter</i>
Tomato	Firmicutes	Bacilli	<i>Lactobacillus</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Limnohabitans</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Microbispora</i>
Tomato	Bacteroidetes	Flavobacteriia	<i>Myroides</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Myxococcus</i>
Tomato	Verrucomicrobia	Opitutae	<i>Nibricoccus</i>
Tomato	Cyanobacteria	Cyanophyceae	<i>Nostoc</i>
Tomato	Verrucomicrobia	Opitutae	<i>Opitutus</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Ottowia</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pantoea</i>

Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Pelagibacterium</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Planosporangium</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Pseudoalteromonas</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Ramlibacter</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Renibacterium</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhizorhabdus</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Rhodoferax</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Rhodospirillales</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Rodentibacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Roseateles</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Rubrivivax</i>
Tomato	Bacteroidetes	Chitinophagia	<i>Taibaiella</i>
Tomato	Proteobacteria		<i>Turneriella</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Umezawaea</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Vibrio</i>
Tomato	Proteobacteria	Betaproteobacteria	<i>Vitreoscilla</i>
Tomato	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Williamsia</i>
Tomato	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Xanthobacter</i>
Tomato	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Yersinia</i>

Πίνακας 10. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του αμπελιού

Plants	Phyla	Class	Genus
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Acinetobacter</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinoallomurus</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinomadura</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinomycetospora</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinoplanes</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Actinopolymorpha</i>
Vine	Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Adhaeribacter</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Aeromicrobium</i>
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Afifella</i>
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Afipia</i>
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Agrobacterium</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Agromyces</i>
Vine	Firmicutes	Bacilli	<i>Alicyclobacillus</i>
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Amaricoccus</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Amycolatopsis</i>
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	<i>Aquicella</i>
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	<i>Arthrobacter</i>
Vine	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus</i>
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Balneimonas</i>

Vine	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrio
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Bradyrhizobium
Vine	Firmicutes	Bacilli	Brevibacillus
Vine	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderia
Vine	Chloroflexota	Caldilineae	Caldilinea
Vine			Candidatus Koribacter
Vine			Candidatus Nitrososphaera
Vine			Candidatus Protochlamydia
Vine			Candidatus Solibacter
Vine			Candidatus Xiphinematobacter
Vine			Catellatospora
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Cellulomonas
Vine			Chthoniobacter
Vine	Firmicutes	Clostridia	Clostridium
Vine	Firmicutes	Bacilli	Cohnella
Vine	Actinobacteria	Thermoleophilia	Conexibacter
Vine	Firmicutes	Clostridia	Coprococcus
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Cryocola
Vine	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Cupriavidus
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Dactylosporangium
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Devosia
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Dokdonella
Vine	Bacteroidetes	Cytophagia	Dyadobacter
Vine			Edaphobacter
Vine			Ellin506
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Erwinia
Vine			Fimbriimonas
Vine	Bacteroidetes	Chitinophagia	Flavisolibacter
Vine	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacterium
Vine	Firmicutes	Clostridia	Fusibacter
Vine	Planctomyceota	Planctomycetia	Gemmata
Vine	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Geobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Geodermatophilus
Vine			Glaucocystis
Vine	Firmicutes	Bacilli	Granulicatella
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Hahella
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Hyphomicrobium
Vine	Actinobacteria	Acidimicrobia	Iamia
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Janibacter
Vine			Kaistobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Kibdelosporangium
Vine			Kineosporia

Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Kribbella
Vine			Labrys
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Lapillicoccus
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionella
Vine	Proteobacteria		Leptothrix
Vine	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Limnobacter
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Lysobacter
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Mesorhizobium
Vine	Proteobacteria		Methylibium
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Methylobacterium
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Modestobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Mycobacterium
Vine			Nannocystis
Vine	Nitrospirota	Nitrospira	Nitrospira
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Nocardia
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Nocardioides
Vine	Actinobacteria		Nonomuraea
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Novosphingobium
Vine	Verrucomicrobiota	Opitutae	Opitutus
Vine	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillus
Vine	Bacteroidetes	Sphingobacteriia	Pedobacter
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Pedomicrobium
Vine			Pedosphaera
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Phenylobacterium
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Phycococcus
Vine			Pilimelia
Vine			Pirellula
Vine	Planctomyceota		Planctomyces
Vine	Proteobacteria	Myxococcota	Plesiocystis
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonas
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Pseudonocardia
Vine			Ramlibacter
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobium
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Rhodococcus
Vine			Rhodocytophaga
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodoplanes
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodovulum
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Roseomonas
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rubellimicrobium
Vine			Rubrivivax
Vine	Actinobacteria	Rubrobacteria	Rubrobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Saccharopolyspora
Vine	Actinobacteria		Saccharothrix

Vine	Bacteroidetes	Chitinophagia	Segetibacter
Vine	Proteobacteria		Skermanella
Vine	Firmicutes	Bacilli	Solibacillus
Vine			Solwaraspora
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingobium
Vine	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonas
Vine			Sporocytophaga
Vine	Firmicutes	Bacilli	Sporosarcina
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Steroidobacter
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Streptomyces
Vine	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Tatlockia
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Terracoccus
Vine	Firmicutes	Bacilli	Thermoactinomyces
Vine			Thermomonas
Vine	Firmicutes	Erysipelotrichia	Turicibacter
Vine			Uliginosibacterium
Vine	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Variovorax
Vine			Vermamoeba
Vine	Actinobacteria	Actinomycetia	Virgisporangium
Vine			Xylophilus

Πίνακας 11. Τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται σε μεγάλη αφθονία στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας του φυτού του σιταριού

Plants	Phyla	Class	Genus
Wheat	Actinobacteria	Actinomycetia	Acidothermus
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Acidovorax
Wheat	Actinobacteria	Actinomycetia	Agromyces
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium
Wheat	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Anaeromyxobacter
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Arenimonas
Wheat	Actinobacteria	Actinomycetia	Arthrobacter
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Asticcacaulis
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Asticcacaulis
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillum
Wheat	Firmicutes	Bacilli	Bacillus
Wheat	Actinobacteria	Actinomycetia	Blastococcus
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Bradyrhizobium
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Caenimonas
Wheat	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Candidatus Udaeobacter
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacter

Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cellvibrio
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Devosia
Wheat	Bacteroidetes	Cytophagia	Dyadobacter
Wheat	Bacteroidetes	Chitinophagia	Flavisolibacter
Wheat	Bacteroidetes	Bacteroidia	Flavitalea
Wheat	Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacterium
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Ideonella
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	IS-44
Wheat	Bacteroidetes	Bacteroidia	Lacibacter
Wheat	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Lacunisphaera
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Leptothrix
Wheat	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Luteolibacter
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Massilia
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Methylothermobacter
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	MND1
Wheat	Bacteroidetes	Bacteroidia	Niastella
Wheat	Nitrospirata	Nitrospira	Nitrospira
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Noviherbaspirillum
Wheat	Bacteroidetes	Bacteroidia	Ohtaekwangia
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pantoea
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Paucibacter
Wheat	Firmicutes	Negativicutes	Pelosinus
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Phenylobacterium
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Piscinibacter
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonas
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Ralstonia
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Ramlibacter
Wheat	Acidobacteria	Blastocatellia	RB41
Wheat	Actinobacteria	Rubrobacteria	Rubrobacter
Wheat	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Sorangium
Wheat	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonas
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Steroidobacter
Wheat	Actinobacteria	Actinomycetia	Streptomyces
Wheat	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Thermomonas
Wheat	Chloroflexi	Anaerolineae	UTCFX1

Στη συνέχεια, πραγματοποιήθηκε φιλτράρισμα των βακτηριακών γενών που καταγράφηκαν, με σκοπό να εντοπιστούν εκείνα που εμφανίζονται πιο συχνά σε όλα τα φυτικά είδη που μελετήθηκαν. Συγκεκριμένα, καταγράφηκαν σε έναν πίνακα τα βακτηριακά γένη που εμφανίζονται σε περισσότερα από πέντε φυτικά είδη από εκείνα που εξετάστηκαν. Όπως φαίνεται στους πίνακες 12 και 13, τα βακτηριακά γένη που βρίσκονται συχνά στη ριζόσφαιρα των φυτών που μελετήθηκαν είναι τα παρακάτω: *Streptomyces*, *Flavisolibacter*, *Dyadobacter*, *Flavobacterium*, *Bacillus*, *Nitrospira*,

Caulobacter, *Devosia*, *Phenylobacterium*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Variovorax*, *Cellvibrio* και *Pseudomonas*.

Πίνακας 12. Τα βακτηριακά γένη που εντοπίστηκαν στα περισσότερα φυτικά είδη

Bacterial Phylum	Actinobacteria	Bacteroidetes			Firmicutes	Nitrospirota
Bacterial Class	Actinomycetia	Chitinophagia	Cytophagia	Flavobacteriia	Bacilli	Nitrospira
Bacterial Genus	Streptomyces	Flavisolibacter	Dyadobacter	Flavobacterium	Bacillus	Nitrospira
Cucumber						
Mandarin	x					x
Olive	x					
Orange			x	x		
Pea					x	
Potato	x	x	x	x		x
Rice						
Tomato	x	x	x	x	x	x
Vine	x	x	x	x	x	x
Wheat	x	x	x	x	x	x
Melon	x	x			x	
Total	7	5	5	5	5	5

Πίνακας 13. Τα βακτηριακά γένη που εντοπίστηκαν στα περισσότερα φυτικά είδη

Bacterial Phylum	Proteobacteria							
Bacterial Class	Alphaproteobacteria					Betaproteobacteria	Gammaproteobacteria	
Bacterial Genus	Caulobacter	Devosia	Phenylobacterium	Rhizobium	Sphingomonas	Variovorax	Cellvibrio	Pseudomonas
Cucumber			x	x	x	x	x	x
Mandarin			x		x	x		
Olive					x			
Orange	x	x	x	x		x	x	x
Pea								x
Potato	x	x		x		x	x	x
Rice								
Tomato	x	x	x	x	x	x	x	x
Vine	x	x	x	x	x	x		x
Wheat	x	x	x		x		x	
Melon					x			x
Total	5	5	6	5	7	6	5	7

2.2 Εφαρμογή πολωνυμικής λογιστικής παλινδρόμησης

Στη συνέχεια, πραγματοποιήθηκε μία ανάλυση των αποτελεσμάτων της έρευνας του Gabin και των συνεργατών του [40]. Πιο συγκεκριμένα, σύλλεξαν και ανέλυσαν τα μεταγονιδιώματα από 128 διαφορετικά δείγματα χώματος που προέρχονται από διάφορα γεωγραφικά μήκη και πλάτη παγκοσμίως, με σκοπό να μελετήσουν τις στρατηγικές επιβίωσης που έχουν υιοθετήσει κατά την εξέλιξη τα βακτήρια του μικροβιώματός τους. Πιο συγκεκριμένα, στην συγκεκριμένη μελέτη ελέγχθηκαν διάφορες παράμετροι που επηρεάζουν την ανάπτυξη των βακτηρίων, όπως το pH, η θερμοκρασία, η συγκέντρωση άνθρακα και φωσφόρου, η αναλογία άνθρακα προς άζωτο και η ετήσια βροχόπτωση, οι οποίες διαφέρουν αρκετά στα διαφορετικά ενδιαίτηματα παγκοσμίως. Με βάση αυτά τα δεδομένα, στην παρούσα μελέτη πραγματοποιήθηκε μία πολωνυμική λογιστική παλινδρόμηση (Multinomial logistic regression), μέσω του στατιστικού προγράμματος STATA, με σκοπό να

δημιουργηθεί ένα μοντέλο πρόβλεψης της επιβίωσης των βακτηρίων που βρέθηκε ότι βρίσκονται συχνά στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας σε διαφορετικά ενδιαιτήματα, καθώς και της ικανότητάς τους να προσαρμόζονται σε επικείμενες αλλαγές στις περιβαλλοντικές συνθήκες. Η πολυωνυμική λογιστική παλινδρόμηση είναι μία μέθοδος παλινδρόμησης η οποία χρησιμοποιείται για προβλέψεις κατηγορικών μεταβλητών που έχουν τρεις ή περισσότερες κατηγορίες, επιτρέποντας την αντιμετώπιση πολλών κατηγοριών. Πιο συγκεκριμένα, το μοντέλο υπολογίζει τις πιθανότητες κάθε κατηγορίας ως συνάρτηση των ανεξάρτητων μεταβλητών και στη συνέχεια οι πιθανότητες αυτές μεταφράζονται σε πιθανές κατηγορίες μέσω συνάρτησης που ονομάζεται συνάρτηση εντοπισμού [75].

Εν προκειμένω, στο συγκεκριμένο μοντέλο η εξαρτημένη μεταβλητή περιλαμβάνει τα εξής διακριτά αποτελέσματα: ακραία δυσμενείς συνθήκες, δυσμενείς συνθήκες, μεσαίες συνθήκες, ικανοποιητικές συνθήκες και εξαιρετικές συνθήκες. Αυτά τα διακριτά αποτελέσματα προέκυψαν μέσω της δημιουργίας ενός δείκτη καταλληλότητας (INDEX) ο οποίος μπορεί να πάρει τιμές από 0 (ακατάλληλες συνθήκες διαβίωσης), έως 1 (ιδανικές συνθήκες διαβίωσης). Προκειμένου να προσδιοριστεί αυτός ο δείκτης, υπολογίστηκε ο μέσος όρος καταλληλότητας που προέκυψε από τις μεταβλητές του pH, της θερμοκρασίας, της συγκέντρωσης φωσφόρου, της αναλογίας άνθρακα προς άζωτο και της ετήσιας βροχόπτωσης. Για κάθε βακτηριακό γένος βρέθηκαν από τη βιβλιογραφία οι ιδανικές συνθήκες για κάθε μία από τις παραπάνω μεταβλητές και στη συνέχεια μέσω του προγράμματος STATA δημιουργήθηκαν νέες μεταβλητές, οι οποίες έδειχναν την καταλληλότητα του κάθε ενδιαιτήματος που μελετήθηκε. Οι μεταβλητές αυτές είναι συνεχείς και μπορούν να πάρουν τιμές από 0 (ακατάλληλο pH, θερμοκρασία κ.λπ.) έως 1 (ιδανικό pH, θερμοκρασία κ.λπ.). Οι νέες αυτές μεταβλητές έδωσαν έναν μέσο όρο, ο οποίος ομαδοποιήθηκε στα πέντε διακριτά αποτελέσματα που προαναφέρθηκαν. Επομένως, για κάθε βακτηριακό γένος που εμφανίζεται στους Πίνακες 12 και 13 παρατίθενται τα αποτελέσματα της παλινδρόμησης στους Πίνακες 15-28, όπως προέκυψαν από το πρόγραμμα STATA.

Πίνακας 14. Ιδανικές συνθήκες ανάπτυξης των βακτηριακών γενών

Bacterial genera	Soil pH	Soil P (g/kg)	Soil C:N	Mean Annual Temperature (°C)	Annual Precipitation (mm)
<i>Pseudomonas</i>	5.5 - 7.5	0.05 - 0.2	10 - 20	20 - 30	600 - 1200
<i>Streptomyces</i>	6 - 8	0.1 - 1	10 - 20	20 - 30	500 - 1500
<i>Flavisolibacter</i>	6 - 8	0.1 - 0.5	10 - 20	15 - 25	500 - 1500
<i>Dyadobacter</i>	5.5 - 7.5	0.1 - 0.5	10 - 20	15 - 25	500 - 1500
<i>Flavobacterium</i>	6.5 - 7.5	0.1 - 0.5	10 - 15	15 - 25	500 - 1500
<i>Bacillus</i>	6.5 - 8	0.1 - 0.5	10 - 20	20 - 30	500 - 1500
<i>Nitrospira</i>	6 - 7.5	0.1 - 0.5	10 - 20	15 - 25	500 - 1500
<i>Caulobacter</i>	6.5 - 8	0.1 - 0.3	10 - 15	20 - 30	600 - 2000
<i>Devosia</i>	6.5 - 8	0.1 - 0.5	10 - 20	20 - 30	600 - 2000
<i>Phenylobacterium</i>	6 - 8	0.1 - 0.3	10 - 20	15 - 30	500 - 1500
<i>Rhizobium</i>	6 - 7	0.2 - 0.5	10 - 15	15 - 25	500 - 1500
<i>Sphingomonas</i>	6.5 - 8.5	0.2 - 0.5	10 - 15	10 - 30	600 - 1500
<i>Variovorax</i>	6 - 7.5	0.2 - 0.5	10 - 20	10 - 30	500 - 1500
<i>Cellvibrio</i>	5.5 - 7	0.3 - 0.6	12 - 20	15 - 28	800 - 1500

Πίνακας 15. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Pseudomonas*

Multinomial logistic regression
Log likelihood = -148.42733
Number of obs = 127
LR chi2(12) = 74.60
Prob > chi2 = 0.0000
Pseudo R2 = 0.2008

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	1.220701	2.069748	0.59	0.555	-2.835932	5.277333
SoilCN_suitability	2.524973	2.62011	0.96	0.335	-2.610349	7.660294
Temperature_suitability	5.173456	6.303439	0.82	0.412	-7.181057	17.52797
_cons	-1.116389	1.854313	-0.60	0.547	-4.750776	2.517997
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	5.065562	2.079618	2.44	0.015	.989585	9.141538
SoilCN_suitability	7.868665	2.659355	2.96	0.003	2.656425	13.08091
Temperature_suitability	12.32045	6.215143	1.98	0.047	.1389966	24.50191
_cons	-4.870207	2.007131	-2.43	0.015	-8.804111	-.936303
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	8.166961	2.223959	3.67	0.000	3.808082	12.52584
SoilCN_suitability	12.19155	2.90676	4.19	0.000	6.494404	17.88869
Temperature_suitability	15.26233	6.312753	2.42	0.016	2.889563	27.6351
_cons	-9.666464	2.344228	-4.12	0.000	-14.26107	-5.071861
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	6.976302	2.269514	3.07	0.002	2.528136	11.42447
SoilCN_suitability	12.74828	2.978189	4.28	0.000	6.911142	18.58543
Temperature_suitability	17.2552	6.321044	2.73	0.006	4.866184	29.64422
_cons	-10.33424	2.432338	-4.25	0.000	-15.10153	-5.566942

Πίνακας 16. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Streptomyces*

Multinomial logistic regression
Log likelihood = -117.30079
Number of obs = 127
LR chi2(12) = 160.68
Prob > chi2 = 0.0000
Pseudo R2 = 0.4065

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	7.288464	2.854642	2.55	0.011	1.693469	12.88346
SoilCN_suitability	8.257117	2.326365	3.55	0.000	3.697525	12.81671
Temperature_suitability	5.830263	9.530384	0.61	0.541	-12.84895	24.50947
_cons	-5.566057	1.759318	-3.16	0.002	-9.014257	-2.117856
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	10.67355	2.941126	3.63	0.000	4.90905	16.43805
SoilCN_suitability	8.685858	2.415023	3.60	0.000	3.9525	13.41922
Temperature_suitability	19.60281	8.001328	2.45	0.014	3.920493	35.28512
_cons	-6.862261	1.881362	-3.65	0.000	-10.54966	-3.174858
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	8.310808	3.114706	2.67	0.008	2.206097	14.41552
SoilCN_suitability	11.3934	2.637766	4.32	0.000	6.223477	16.56333
Temperature_suitability	23.02813	8.128041	2.83	0.005	7.097461	38.9588
_cons	-9.043613	2.153447	-4.20	0.000	-13.26429	-4.822936
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	20.46704	5.40852	3.78	0.000	9.866536	31.06755
SoilCN_suitability	25.7001	6.198995	4.15	0.000	13.55029	37.8499
Temperature_suitability	42.32517	10.6322	3.98	0.000	21.48644	63.16391
_cons	-29.08745	7.731948	-3.76	0.000	-44.24179	-13.93311

Πίνακας 17. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Flavisolibacter*

Multinomial logistic regression			Number of obs = 127			
			LR chi2(12) = 208.69			
			Prob > chi2 = 0.0000			
Log likelihood = -84.941126			Pseudo R2 = 0.5513			
INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	30.46825	17.09475	1.78	0.075	-3.036835	63.97334
SoilCN_suitability	31.97257	17.49227	1.83	0.068	-2.311646	66.25679
Temperature_suitability	20.40989	13.20807	1.55	0.122	-5.477443	46.29722
_cons	-19.68082	10.5814	-1.86	0.063	-40.41998	1.058345
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	36.85976	17.18972	2.14	0.032	3.168531	70.551
SoilCN_suitability	36.31459	17.58803	2.06	0.039	1.842687	70.7865
Temperature_suitability	27.3797	13.23187	2.07	0.039	1.445701	53.3137
_cons	-24.8787	10.72759	-2.32	0.020	-45.90438	-3.853011
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	31.23965	17.21255	1.81	0.070	-2.496325	64.97562
SoilCN_suitability	34.42655	17.60204	1.96	0.050	-.0728121	68.92592
Temperature_suitability	28.71117	13.26368	2.16	0.030	2.714831	54.70751
_cons	-22.98579	10.74505	-2.14	0.032	-44.04571	-1.925872
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	38.68661	17.43391	2.22	0.026	4.516782	72.85645
SoilCN_suitability	46.97734	18.02462	2.61	0.009	11.64974	82.30494
Temperature_suitability	41.70637	13.71126	3.04	0.002	14.83279	68.57994
_cons	-38.79577	11.696	-3.32	0.001	-61.7195	-15.87203

Πίνακας 18. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Dyadobacter*

Multinomial logistic regression				Number of obs = 127		
				LR chi2(12) = 188.55		
				Prob > chi2 = 0.0000		
Log likelihood = -90.792886				Pseudo R2 = 0.5094		
INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	23.05246	13.13918	1.75	0.079	-2.699872	48.80478
SoilCN_suitability	39.07733	21.38133	1.83	0.068	-2.829296	80.98396
Temperature_suitability	19.5237	13.85772	1.41	0.159	-7.636938	46.68434
_cons	-23.54767	13.10286	-1.80	0.072	-49.22881	2.133462
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	29.52961	13.24331	2.23	0.026	3.573204	55.48601
SoilCN_suitability	44.05838	21.48336	2.05	0.040	1.951766	86.165
Temperature_suitability	27.31724	13.99605	1.95	0.051	-1.14502	54.74899
_cons	-29.6419	13.25824	-2.24	0.025	-55.62758	-3.656215
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	27.33307	13.23747	2.06	0.039	1.388101	53.27805
SoilCN_suitability	43.48693	21.47974	2.02	0.043	1.387419	85.58644
Temperature_suitability	28.64531	13.98452	2.05	0.041	1.236145	56.05447
_cons	-28.67859	13.25173	-2.16	0.030	-54.6515	-2.705678
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	32.00528	13.34421	2.40	0.016	5.851112	58.15946
SoilCN_suitability	52.11342	21.65409	2.41	0.016	9.67218	94.55465
Temperature_suitability	39.23735	14.22118	2.76	0.006	11.36436	67.11035
_cons	-40.14562	13.65413	-2.94	0.003	-66.90722	-13.38402

Πίνακας 19. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Flavobacterium*

Multinomial logistic regression
Log likelihood = **-93.647412**

Number of obs = 127
LR chi2(12) = 213.61
Prob > chi2 = 0.0000
Pseudo R2 = 0.5328

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
AKPAIA_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	5.198512	1.837122	2.83	0.005	1.597819	8.799206
SoilCN_suitability	6.748208	1.747638	3.86	0.000	3.322901	10.17352
Temperature_suitability	5.613641	2.917944	1.92	0.054	−.1054239	11.33271
_cons	−2.955751	.9121627	−3.24	0.001	−4.743557	−1.167945
ΜΕΣΑΙΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	6.509095	2.004802	3.25	0.001	2.579755	10.43844
SoilCN_suitability	7.536523	1.942563	3.88	0.000	3.729169	11.34388
Temperature_suitability	9.671592	3.016272	3.21	0.001	3.759808	15.58338
_cons	−4.54786	1.209215	−3.76	0.000	−6.917878	−2.177842
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	6.389608	2.687528	2.38	0.017	1.12215	11.65707
SoilCN_suitability	11.65663	2.598145	4.49	0.000	6.564359	16.7489
Temperature_suitability	16.2317	3.752848	4.33	0.000	8.876254	23.58715
_cons	−8.827823	2.133423	−4.14	0.000	−13.00926	−4.64639
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	14.11296	4.037696	3.50	0.000	6.199217	22.0267
SoilCN_suitability	30.80939	8.134209	3.79	0.000	14.86663	46.75215
Temperature_suitability	36.92667	8.75567	4.22	0.000	19.76587	54.08746
_cons	−33.40573	9.897986	−3.38	0.001	−52.80542	−14.00603

Πίνακας 20. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Bacillus*

Multinomial logistic regression
Log likelihood = **-102.72214**

Number of obs = 127
LR chi2(12) = 185.67
Prob > chi2 = 0.0000
Pseudo R2 = 0.4747

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	16.84845	6.736491	2.50	0.012	3.645168	30.05173
SoilCN_suitability	16.46805	4.820645	3.42	0.001	7.019759	25.91634
Temperature_suitability	28.30293	14.22542	1.99	0.047	.421612	56.18425
_cons	-10.30382	3.038742	-3.39	0.001	-16.25965	-4.347996
ΜΕΣΙΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	17.66009	6.736906	2.62	0.009	4.455993	30.86418
SoilCN_suitability	13.82379	4.751725	2.91	0.004	4.510585	23.137
Temperature_suitability	36.00723	13.7055	2.63	0.009	9.144938	62.86953
_cons	-9.041018	2.974717	-3.04	0.002	-14.87136	-3.210681
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	17.65428	6.940339	2.54	0.011	4.051465	31.25709
SoilCN_suitability	21.78404	5.234214	4.16	0.000	11.52517	32.04291
Temperature_suitability	48.16919	14.07095	3.42	0.001	20.59064	75.74775
_cons	-16.18123	3.630007	-4.46	0.000	-23.29591	-9.066542
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	25.0102	7.875277	3.18	0.001	9.574941	40.44546
SoilCN_suitability	32.65648	6.404082	5.10	0.000	20.10471	45.20825
Temperature_suitability	60.70169	14.56123	4.17	0.000	32.1622	89.24118
_cons	-30.77404	5.71361	-5.39	0.000	-41.97251	-19.57557

Πίνακας 21. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Nitrospira*

Multinomial logistic regression

Number of obs = 127

LR chi2(12) = 191.85

Prob > chi2 = 0.0000

Log likelihood = -93.358477

Pseudo R2 = 0.5068

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	22.71862	12.67774	1.79	0.073	-2.129304	47.56654
SoilCN_suitability	32.09989	17.415	1.84	0.065	-2.032873	66.23266
Temperature_suitability	20.99826	13.13092	1.60	0.110	-4.737873	46.73444
_cons	-19.71369	10.52646	-1.87	0.061	-40.34517	.9177929
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	28.32985	12.77904	2.22	0.027	3.283392	53.3763
SoilCN_suitability	36.63853	17.52721	2.09	0.037	2.285828	70.99123
Temperature_suitability	28.43938	13.198	2.15	0.031	2.57177	54.307
_cons	-25.16536	10.69357	-2.35	0.019	-46.12437	-4.206351
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	25.53705	12.78156	2.00	0.046	.4856519	50.58845
SoilCN_suitability	35.72237	17.53592	2.04	0.042	1.352591	70.09215
Temperature_suitability	29.58166	13.20937	2.24	0.025	3.691771	55.47154
_cons	-24.06282	10.70308	-2.25	0.025	-45.04048	-3.085163
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	30.97931	12.89448	2.40	0.016	5.706596	56.25203
SoilCN_suitability	44.10771	17.69992	2.49	0.013	9.416499	78.79893
Temperature_suitability	39.41082	13.39636	2.94	0.003	13.15444	65.66721
_cons	-35.27117	11.09844	-3.18	0.001	-57.02372	-13.51863

Πίνακας 22. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Caulobacter*

Multinomial logistic regression

Number of obs = 127

LR chi2(12) = 169.80

Prob > chi2 = 0.0000

Log likelihood = -108.64116

Pseudo R2 = 0.4387

Τέλευτο

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	12.17614	4.204598	2.90	0.004	3.935277	20.417
SoilCN_suitability	14.74717	4.457924	3.31	0.001	6.009796	23.48454
Temperature_suitability	32.97875	13.6731	2.41	0.016	6.179974	59.77752
_cons	-9.122176	2.804706	-3.25	0.001	-14.6193	-3.625053
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	13.46888	4.312519	3.12	0.002	5.0165	21.92126
SoilCN_suitability	15.55301	4.591164	3.39	0.001	6.5545	24.55153
Temperature_suitability	40.52202	13.90831	2.91	0.004	13.26223	67.7818
_cons	-10.88013	2.979112	-3.65	0.000	-16.71908	-5.041174
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	9.712065	4.879728	1.99	0.047	.1479746	19.27616
SoilCN_suitability	18.95203	4.83452	3.92	0.000	9.476547	28.42752
Temperature_suitability	48.44144	14.07859	3.44	0.001	20.84792	76.03496
_cons	-14.2982	3.323226	-4.30	0.000	-20.8116	-7.784797
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	18.1765	5.73833	3.17	0.002	6.929585	29.42342
SoilCN_suitability	28.73381	5.803255	4.95	0.000	17.35964	40.10798
Temperature_suitability	57.86704	14.35993	4.03	0.000	29.72209	86.01198
_cons	-26.83205	4.984895	-5.38	0.000	-36.60227	-17.06184

Πίνακας 23. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Devosia*

Multinomial logistic regression			Number of obs = 127			
			LR chi2(12) = 167.59			
			Prob > chi2 = 0.0000			
Log likelihood = -109.82402			Pseudo R2 = 0.4328			
INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	12.17847	4.203126	2.90	0.004	3.940493	20.41644
SoilCN_suitability	14.75072	4.458447	3.31	0.001	6.012323	23.48912
Temperature_suitability	32.85702	13.67354	2.40	0.016	6.057366	59.65668
_cons	-9.123121	2.804959	-3.25	0.001	-14.62074	-3.625502
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	13.42787	4.310346	3.12	0.002	4.97975	21.876
SoilCN_suitability	15.5419	4.589609	3.39	0.001	6.546435	24.53737
Temperature_suitability	40.88219	13.90612	2.94	0.003	13.62669	68.13768
_cons	-10.86474	2.976507	-3.65	0.000	-16.69859	-5.030896
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	10.3126	4.832519	2.13	0.033	.8410339	19.78416
SoilCN_suitability	19.11233	4.831967	3.96	0.000	9.641851	28.58282
Temperature_suitability	48.09353	14.05337	3.42	0.001	20.54944	75.63763
_cons	-14.45965	3.32219	-4.35	0.000	-20.97102	-7.948274
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	18.53742	5.671018	3.27	0.001	7.422428	29.65241
SoilCN_suitability	28.7238	5.782012	4.97	0.000	17.39127	40.05634
Temperature_suitability	57.49197	14.33081	4.01	0.000	29.40409	85.57985
_cons	-26.8206	4.960255	-5.41	0.000	-36.54252	-17.09868

Πίνακας 24. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Phenylobacterium*

Multinomial logistic regression			Number of obs = 127			
			LR chi2(12) = 208.28			
			Prob > chi2 = 0.0000			
Log likelihood = -87.391843			Pseudo R2 = 0.5437			
INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	125.6535	12164.4	0.01	0.992	-23716.14	23967.45
SoilCN_suitability	35.50928	20.3778	1.74	0.081	-4.430479	75.44903
Temperature_suitability	40.21322	28.70382	1.40	0.161	-16.04522	96.47167
_cons	-21.91138	12.36951	-1.77	0.076	-46.15518	2.332412
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	131.2384	12164.4	0.01	0.991	-23710.56	23973.03
SoilCN_suitability	39.23072	20.44843	1.92	0.055	-.8474708	79.30892
Temperature_suitability	46.14754	28.8181	1.60	0.109	-10.33489	102.63
_cons	-26.37899	12.47117	-2.12	0.034	-50.82204	-1.935941
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	127.9253	12164.4	0.01	0.992	-23713.87	23969.72
SoilCN_suitability	40.37243	20.49656	1.97	0.049	.1999195	80.54494
Temperature_suitability	52.90222	28.8701	1.83	0.067	-3.682126	109.4866
_cons	-27.46982	12.54295	-2.19	0.029	-52.05354	-2.886089
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	137.8025	12164.41	0.01	0.991	-23703.99	23979.6
SoilCN_suitability	54.76804	21.07318	2.60	0.009	13.46537	96.07071
Temperature_suitability	74.2093	29.97685	2.48	0.013	15.45575	132.9628
_cons	-50.5848	15.00788	-3.37	0.001	-79.99971	-21.1699

Πίνακας 25. Πολυωνυμική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Rhizobium*

Multinomial logistic regression	Number of obs =	127
	LR chi2(12) =	193.78
	Prob > chi2 =	0.0000
Log likelihood = -92.462656	Pseudo R2 =	0.5117

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΙΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΙΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	10.87576	5.787001	1.88	0.060	-4.4665547	22.21807
SoilCN_suitability	22.11288	10.43156	2.12	0.034	1.667406	42.55836
Temperature_suitability	14.57591	9.065044	1.61	0.108	-3.191246	32.34307
_cons	-13.71145	6.414451	-2.14	0.033	-26.28354	-1.139356
ΜΕΣΙΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	15.53686	5.962743	2.61	0.009	3.850097	27.22362
SoilCN_suitability	24.23033	10.58202	2.29	0.022	3.489958	44.97071
Temperature_suitability	20.93419	9.15622	2.29	0.022	2.988326	38.88005
_cons	-17.00484	6.661658	-2.55	0.011	-30.06145	-3.948227
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	16.12329	5.983967	2.69	0.007	4.394929	27.85165
SoilCN_suitability	28.46786	10.67456	2.67	0.008	7.5461	49.38962
Temperature_suitability	25.63417	9.235477	2.78	0.006	7.532963	43.73537
_cons	-20.69679	6.797691	-3.04	0.002	-34.02002	-7.373561
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	19.28363	6.136957	3.14	0.002	7.255418	31.31185
SoilCN_suitability	34.5692	10.90275	3.17	0.002	13.2002	55.93821
Temperature_suitability	34.75144	9.497713	3.66	0.000	16.13626	53.36661
_cons	-30.07106	7.342167	-4.10	0.000	-44.46145	-15.68068

Πίνακας 26. Πολυωνυμική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Sphingomonas*

Multinomial logistic regression				Number of obs = 127		
				LR chi2(12) = 216.49		
				Prob > chi2 = 0.0000		
Log likelihood = -80.592786				Pseudo R2 = 0.5732		
INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΙΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΙΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	35.86378	18.44335	1.94	0.052	-2.2845224	72.01208
SoilCN_suitability	48.07151	21.05794	2.28	0.022	6.798699	89.34432
Temperature_suitability	30.06997	14.17676	2.12	0.034	2.284028	57.85591
_cons	-29.76837	12.76228	-2.33	0.020	-54.78198	-4.754761
ΜΕΣΙΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	36.37982	18.49997	1.97	0.049	1.1205362	72.6391
SoilCN_suitability	48.3222	21.1178	2.29	0.022	6.932073	89.71233
Temperature_suitability	36.04513	14.29675	2.52	0.012	8.024004	64.06625
_cons	-32.0053	12.86711	-2.49	0.013	-57.22437	-6.786225
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	33.48894	18.51471	1.81	0.070	-2.799215	69.7771
SoilCN_suitability	50.03165	21.10048	2.37	0.018	8.675469	91.38784
Temperature_suitability	40.21743	14.32035	2.81	0.005	12.15006	68.2848
_cons	-33.42604	12.85623	-2.60	0.009	-58.62379	-8.228287
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	39.02466	18.81282	2.07	0.038	2.1522	75.89712
SoilCN_suitability	61.20305	21.29021	2.87	0.004	19.47501	102.9311
Temperature_suitability	52.87876	14.73548	3.59	0.000	23.99774	81.75977
_cons	-48.58191	13.43897	-3.62	0.000	-74.9218	-22.24201

Πίνακας 27. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Varionorax*

Multinomial logistic regression Number of obs = 127
 LR chi2(12) = 198.37
 Prob > chi2 = 0.0000
 Log likelihood = -91.972675 Pseudo R2 = 0.5189

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	11.25348	4.971974	2.26	0.024	1.508585	20.99837
SoilCN_suitability	17.80101	7.64345	2.33	0.020	2.820119	32.78189
Temperature_suitability	8.246622	5.314153	1.55	0.121	-2.168926	18.66217
_cons	-10.90058	4.698676	-2.32	0.020	-20.10982	-1.691348
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	16.84181	5.212642	3.23	0.001	6.625218	27.0584
SoilCN_suitability	22.18121	7.901375	2.81	0.005	6.694797	37.66762
Temperature_suitability	15.02562	5.686307	2.64	0.008	3.880668	26.17058
_cons	-16.41483	5.119597	-3.21	0.001	-26.44906	-6.380604
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	15.38311	5.233367	2.94	0.003	5.125902	25.64032
SoilCN_suitability	23.58659	7.966358	2.96	0.003	7.972812	39.20036
Temperature_suitability	21.3936	5.816087	3.68	0.000	9.994283	32.79293
_cons	-18.09551	5.251021	-3.45	0.001	-28.38732	-7.803701
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	19.81085	5.411996	3.66	0.000	9.203532	30.41817
SoilCN_suitability	31.77059	8.212359	3.87	0.000	15.67466	47.86652
Temperature_suitability	32.54726	6.394084	5.09	0.000	20.01509	45.07943
_cons	-30.11444	5.948231	-5.06	0.000	-41.77276	-18.45612

Πίνακας 28. Πολυωνομική λογιστική παλινδρόμηση για το βακτηριακό γένος *Cellvibrio*

Multinomial logistic regression Number of obs = 127
 LR chi2(12) = 166.74
 Prob > chi2 = 0.0000
 Log likelihood = -113.48567 Pseudo R2 = 0.4235

INDEX	Coefficient	Std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
ΑΚΡΑΙΑ_ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ	(base outcome)					
ΔΥΣΜΕΝΕΙΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	5.726072	2.113308	2.71	0.007	1.584063	9.86808
SoilCN_suitability	8.326022	2.644485	3.15	0.002	3.142926	13.50912
Temperature_suitability	6.942306	4.720369	1.47	0.141	-2.309447	16.19406
_cons	-5.405086	1.956033	-2.76	0.006	-9.23884	-1.571333
ΜΕΣΑΙΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	8.877014	2.298943	3.86	0.000	4.371168	13.38286
SoilCN_suitability	10.40646	2.859741	3.64	0.000	4.80147	16.01145
Temperature_suitability	12.07552	4.752054	2.54	0.011	2.761668	21.38938
_cons	-8.354654	2.269853	-3.68	0.000	-12.80348	-3.905823
ΙΚΑΝΟΠΟΙΗΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	8.438295	2.361611	3.57	0.000	3.809622	13.06697
SoilCN_suitability	12.74553	3.047124	4.18	0.000	6.77328	18.71779
Temperature_suitability	18.30077	4.8957	3.74	0.000	8.705377	27.89617
_cons	-10.59029	2.516154	-4.21	0.000	-15.52186	-5.658721
ΕΞΑΙΡΕΤΙΚΕΣ_ΣΥΝΘΗΚΕΣ						
soilpH_suitability	12.86299	2.679553	4.80	0.000	7.611166	18.11482
SoilCN_suitability	17.56118	3.310414	5.30	0.000	11.07289	24.04947
Temperature_suitability	26.23508	5.250925	5.00	0.000	15.94346	36.5267
_cons	-19.22954	3.261229	-5.90	0.000	-25.62143	-12.83765

3. Αποτελέσματα

Τα γένη *Streptomyces*, *Sphingomonas* και *Pseudomonas* εντοπίστηκαν σε επτά από τα έντεκα φυτικά είδη που μελετήθηκαν, γεγονός που υποδεικνύει ότι αυτά τα βακτηριακά γένη συγκαταλέγονται στα βασικά βακτήρια που αποτελούν το μικροβίωμα της ριζόσφαιρας. Επιπλέον, τα βακτηριακά γένη *Phenylobacterium* και *Varionorax* εντοπίστηκαν σε έξι από τα έντεκα φυτικά είδη και όλα τα άλλα γένη εντοπίστηκαν σε πέντε. Αξίζει να σημειωθεί, ότι στο ρύζι τα συγκεκριμένα βακτηριακά γένη δεν ανιχνεύθηκαν στη ριζόσφαιρα του φυτού, αλλά στο χώμα εκτός της ριζόσφαιρας (bulk soil), δηλαδή στην μη εντατική περιοχή του εδάφους που περιλαμβάνει τον μεγαλύτερο όγκο του εδάφους εκτός από το στενό περιβάλλον επαφής των ριζών και των μικροοργανισμών. Επιπλέον, στο μανταρίνι και το πορτοκάλι η αφθονία των συγκεκριμένων βακτηρίων δεν ήταν αρκετά σημαντική ώστε να συμπεριληφθούν στα βασικά βακτήρια του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας, σύμφωνα με τις μελέτες που εξετάστηκαν. Ωστόσο, είναι σημαντικό να επισημανθεί ότι τα αποτελέσματα αυτά είναι ενδεικτικά και εξαρτώνται από τα δεδομένα που παρέχουν οι συγκεκριμένες μελέτες και τις μεθόδους δειγματοληψίας και ανάλυσης που διεξήχθησαν.

Όσον αφορά την στατιστική ανάλυση πολωνυμικής λογιστικής παλινδρόμησης που πραγματοποιήθηκε μέσω του στατιστικού προγράμματος STATA, προκύπτουν τα κάτωθι συμπεράσματα για κάθε βακτηριακό γένος ξεχωριστά. Τα αποτελέσματα που επισημαίνονται είναι εκείνα που είχαν στατιστική σημαντικότητα ($P\text{-value} < 0.05$) σύμφωνα με το μοντέλο.

- **Pseudomonas**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Pseudomonas*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 5.5-7.5), είναι 5.07 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 8.17 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 6.98 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 7.87 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 12.19 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 12.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 20-30°C), είναι 12.32 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 15.26 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 17.26 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Streptomyces**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Streptomyces*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6-8), είναι 7.29 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 10.67 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 8.31 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 20.46 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 8.26 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 8.68 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 8.31 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 25.7 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 20-30°C), είναι 5.83 φορές πιθανότερο να βρεθεί

στις δυσμενείς συνθήκες 19.6 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 23.03 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 42.32 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Flavisolibacter**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Flavisolibacter*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6-8), 36.86 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες και 38.69 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 36.31 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες και 34.43 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-25°C), είναι 27.38 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 28.71 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 41.71 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Dyadobacter**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Dyadobacter*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 5.5-7.5), είναι 29.53 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 27.33 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 32 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 44.01 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 43.49 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 52.11 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-25°C), είναι 27.31 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες και 28.65 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Flavobacterium**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Flavobacterium*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6.5-7.5), είναι 5.2 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 6.5 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 6.39 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 14.11 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 6.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 7.54 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 11.66 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 30.81 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-25°C), είναι 9.67 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 16.23 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 36.93 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Bacillus**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Bacillus*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6.5-8), είναι 16.85 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 17.65 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 25.01 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 16.46 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 13.83 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 21.78 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 32.65 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 20-30°C), είναι 28.3 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 48.17 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 60.7 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Nitrospira**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Nitrospira*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6-7.5), είναι 28.33 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 25.54 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 30.57 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 36.64 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 36.72 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 44.1 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-25°C), είναι 28.44 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 29.58 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 39.41 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Caulobacter**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Caulobacter*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6.5-8), είναι 12.18 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 13.47 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 9.71 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 18.18 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 14.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 15.55 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 18.95 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 28.73 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 20-30°C), είναι 32.98 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 40.52 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 48.44 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 57.87 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Devosia**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Devosia*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6.5-8), είναι 12.18 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 13.43 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 10.31 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 18.54 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 14.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 15.54 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 19.11 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 28.72 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 20-30°C), είναι 32.86 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 40.88 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 48.09 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 57.49 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Phenylobacterium**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Phenylobacterium*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφοροποιήσεις με τη βελτίωσή του (προς το ιδανικό εύρος 6-8) (P-value > 0.05) για καμία από τις συνθήκες έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 35.51 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 40.37 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 54.77 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-30°C), είναι 74.21 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Rhizobium**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Rhizobium*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6-7), είναι 15.54 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 16.12 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 19.28 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 22.11 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 24.23 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 28.47 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 34.57 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-25°C), είναι 20.93 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 25.63 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 34.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Sphingomonas**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Sphingomonas*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6.5-8.5), είναι 36.38 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες και 39.02 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 48.07 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 48.32 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 50.03 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 61.2 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-30°C), είναι 30.07 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 36.05 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 40.22 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 52.88 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Variovorax**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Variovorax*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 6-7.5), είναι 11.25 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 16.84 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 15.38 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 19.81 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 17.8 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 22.18 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 23.59 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 31.77 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-30°C), είναι 8.25 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 15.03 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 21.39 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 32.55 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

- **Cellvibrio**

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα για το βακτηριακό γένος *Cellvibrio*, όσον αφορά την μεταβλητή pH, όταν σε ένα ενδιαίτημα η καταλληλότητα του pH βελτιωθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 5.5-7), είναι 5.73 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες, 8.88 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 8.44 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 12.86 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Όσον αφορά τη μεταβλητή της αναλογίας C:N όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 10-20), είναι 8.33 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις δυσμενείς συνθήκες 10.4 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 12.75 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 17.56 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών. Τέλος, όσον αφορά τη μεταβλητή της θερμοκρασίας όταν η καταλληλότητα αυξηθεί κατά μία μονάδα (προς το ιδανικό εύρος 15-28°C), είναι 12.08 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις μεσαίες συνθήκες, 18.3 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις ικανοποιητικές συνθήκες και 26.23 φορές πιθανότερο να βρεθεί στις εξαιρετικές συνθήκες, έναντι των ακραία δυσμενών συνθηκών.

4. Συζήτηση

Τα βακτήρια που απαρτίζουν το μικροβίωμα της ριζόσφαιρας διαδραματίζουν κρίσιμο ρόλο στην υγεία του φυτού, καθώς αλληλεπιδρούν μεταξύ τους με ποικίλους τρόπους και παρέχουν αμοιβαία οφέλη. Για παράδειγμα, τα φυτικά εκκρίματα προσφέρουν πρωτογενείς και δευτερογενείς μεταβολίτες στα μικρόβια και τα μικρόβια προσφέρουν θρεπτικά συστατικά και φυτοορμόνες στο φυτό. Τα μικρόβια αλληλεπιδρούν επίσης και μεταξύ τους ανταλλάσσοντας σήματα, τα οποία είναι πολύτιμα για την επιβίωσή τους. Κατά τη διάρκεια της εξέλιξης, τα βακτήρια έχουν προσαρμοστεί σε διαφορετικά ενδιαιτήματα, προσαρμόζοντας το γονιδιώμά τους ώστε να ταιριάζουν σε κάθε περιβάλλον. Υπάρχουν κάποιοι κύριοι παράγοντες, όπως το pH του εδάφους, η αναλογία άνθρακα προς άζωτο (C:N), η θερμοκρασία και ο ετήσιος αριθμός βροχοπτώσεων, οι οποίοι διαμόρφωσαν τη δομή και τη λειτουργία των μικροβίων και τους παρείχαν κάποια κοινά λειτουργικά χαρακτηριστικά και κάποια διαφορετικά, όπως η μεταβολική τους ικανότητα, η περιεκτικότητα του γονιδιώματός τους σε GC, τα 16S rRNA rnp και ο μέγιστος ρυθμός ανάπτυξής τους. Οι επιγενετικές τροποποιήσεις του DNA αποτέλεσαν επίσης κύριες κινητήριες δυνάμεις για την ανάπτυξη αυτών των χαρακτηριστικών, επειδή κάτω από στρεσογόνες συνθήκες τα βακτήρια έπρεπε να διατηρήσουν τις βασικές λειτουργίες της επιβίωσής τους, να δημιουργήσουν ή/ και να αποφύγουν θανατηφόρες μεταλλάξεις. Ως αποτέλεσμα, ορισμένα βακτήρια παρουσιάζουν χαμηλή μεταβολική ικανότητα και κάποια άλλα υψηλή μεταβολική ικανότητα με κύριο προσανατολισμό την περιβαλλοντική ανταπόκριση ή την ανακύκλωση των θρεπτικών συστατικών. Η κλιματική αλλαγή είναι ένα σοβαρό φαινόμενο για την υγεία των φυτών και τη συγκρότηση του εδαφικού μικροβιώματος. Η αντίδραση του εδαφικού μικροβιώματος είναι διαφορετική σε σύγκριση με εκείνη των φυτών, καθώς πρέπει να ενισχύσουν τη σταθερότητά τους χρησιμοποιώντας την αντοχή, την ανθεκτικότητα και τον λειτουργικό πλεονασμό, μέσω επιγενετικών τροποποιήσεων που προκαλούνται από το στρες. Στο παρόν κείμενο, συζητούνται δύο απειλητικά αποτελέσματα της κλιματικής αλλαγής: οι πυρκαγιές και οι πλημμύρες, υπογραμμίζοντας τον ισχυρό αντίκτυπό τους στο εδαφικό μικροβίωμα και τους μηχανισμούς που έχει υιοθετήσει προκειμένου να ευδοκιμήσει από αυτά τα καταστροφικά φαινόμενα.

Στην παρούσα ανασκόπηση, διερευνήθηκαν πρόσφατες μελέτες προκειμένου να καταγραφούν τα πιο άφθονα βακτηριακά γένη του μικροβιώματος της ριζόσφαιρας των παρακάτω φυτικών ειδών: ελιά, αμπέλι, πορτοκάλι, αγγούρι, πατάτα, αρακάς, ρύζι, τομάτα, σιτάρι, μανταρίνι και πεπόνι. Τα βακτηριακά γένη που βρέθηκαν σε περισσότερα από πέντε φυτικά είδη ήταν τα ακόλουθα: *Streptomyces*, *Flavisolibacter*, *Dyadobacter*, *Flavobacterium*, *Bacillus*, *Nitrospira*, *Caulobacter*, *Devosia*, *Phenylobacterium*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Variovorax*, *Cellvibrio* και *Pseudomonas* με καθένα από αυτά να διαδραματίζει βασικό ρόλο στην υγεία των φυτών. Παραδείγματος χάρη, τα βακτηριακά γένη *Streptomyces* και *Pseudomonas* είναι γνωστά για την ικανότητά τους να προσδίδουν ανθεκτικότητα στα φυτά ενάντια σε παθογόνα, μέσω της παραγωγής αντιβιοτικών καθώς και να προωθούν την ανάπτυξη των φυτών, μέσω της διαλυτοποίησης του φωσφόρου και του σιδήρου, της δέσμευσης αζώτου και της ρύθμισης των φυτοορμονών [76, 77]. Το γένος *Bacillus* έχει επίσης ρόλο ζωτικής σημασίας στην ανάπτυξη των φυτών και την αντοχή τους στα παθογόνα, μέσω του σχηματισμού βιοφίλμ στις ρίζες, παράγοντας ορμόνες κυτοκίνης, αλλά και ένζυμα και πτητικά συστατικά που μεταβάλλουν την ισορροπία των φυτικών ορμονών [78] και το σχηματισμό σπορίων [79]. Άλλα βακτήρια όπως τα γένη *Rhizobium* και *Nitrospira*, σχετίζονται με τη δέσμευση του αζώτου. Πιο συγκεκριμένα, το *Rhizobium* σχηματίζει τα φυμάτια της ρίζας, τα οποία αποτελούν εκτεταμένα όργανα [80]. Το *Nitrospira* έχει την ικανότητα να οξειδώνει το αμμώνιο σε πλήρως αναερόβιες συνθήκες [81], επηρεάζοντας έτσι τον κύκλο του αζώτου στο έδαφος. Επιπλέον, πολλά μέλη των γενών *Devosia*, *Flavisolibacter* και *Sphingomonas* είναι γνωστά για την αποικοδόμηση διαφόρων

βλαβερών ουσιών και την καταλληλότητά τους να συμμετέχουν στην βιοεξυγίανση και τη φυτοεξυγίανση εδαφών που είναι μολυσμένα με βαρέα μέταλλα [82, 83], με το *Sphingomonas* να είναι ικανό να χρησιμοποιήσει ποικίλες φυσικές ενώσεις και περιβαλλοντικών ρύπων, συμπεριλαμβανομένης της διοξίνης [84]. Επιπρόσθετα, βακτηριακά γένη όπως τα *Flavobacterium*, *Dyadobacter* και *Cellvibrio* έχουν την ικανότητα να αποικοδομούν πολυσακχαρίτες από διάφορες πηγές. Αναλυτικότερα, το *Flavobacterium* αποικοδομεί κυρίως την χιτίνη και πολυσακχαρίτες, ντίζελ και φυτοφάρμακα [85], ενώ το *Dyadobacter* αφομοιώνει διάφορους πολυσακχαρίτες και λιπίδια τα οποία στη συνέχεια χρησιμοποιούνται ως μοναδικές πηγές άνθρακα και ενέργειας [86] και το *Cellvibrio* αποικοδομεί μία σειρά από πολυσακχαρίτες και ιδιαίτερα την κυτταρίνη [87]. Ακόμη, το *Caulobacter* εμπλέκεται στον μεταβολισμό των υδατανθράκων και των δευτερογενών μεταβολιτών [88] και έχει την ικανότητα της ασύμμετρης κυτταρικής διαίρεσης [89]. Το γένος *Varionorax* έχει την ικανότητα να αποικοδομεί την αυξίνη (IAA) και να ρυθμίζει την ανάπτυξη και την απόδοση των καλλιεργειών [90]. Τέλος, η αφθονία των μελών του γένους *Phenylobacterium*, τα οποία διαδραματίζουν τοπολογικό ρόλο σε θερμές καιρικές συνθήκες, παρέχουν σταθερότητα των βακτηριακών κοινοτήτων της ριζόσφαιρας, εξασφαλίζοντας με αυτό τον τρόπο την ανθεκτικότητα του φυτού στις περιβαλλοντικές αλλαγές [91].

Στη συνέχεια, πραγματοποιήθηκε μία πολυωνυμική λογιστική παλινδρόμηση μέσω του στατιστικού προγράμματος STATA, με σκοπό να δημιουργηθεί ένα μοντέλο πρόβλεψης της επιβίωσης των βακτηρίων που προαναφέρθηκαν, καθώς και της ικανότητάς τους να προσαρμόζονται σε επικείμενες αλλαγές στις περιβαλλοντικές συνθήκες. Πιο συγκεκριμένα, δημιουργήθηκε ένα μοντέλο στο οποίο η εξαρτημένη μεταβλητή περιλαμβάνει τα διακριτά χαρακτηριστικά, ακραία δυσμενείς συνθήκες, δυσμενείς συνθήκες, μεσαίες συνθήκες, ικανοποιητικές συνθήκες και εξαιρετικές συνθήκες, βάσει των οποίων δημιουργήθηκε ένας δείκτης καταλληλότητας που προέκυψε συναρτήσει των παραμέτρων του pH, της θερμοκρασίας, της συγκέντρωσης του φωσφόρου, της αναλογίας άνθρακα προς άζωτο και της ετήσιας βροχόπτωσης. Για λόγους στατιστικής σημαντικότητας, δεν δημιουργήθηκε δείκτης καταλληλότητας για τη συγκέντρωση φωσφόρου και την ετήσια βροχόπτωση. Αξίζει να σημειωθεί, ότι σε όλα τα μοντέλα που δημιουργήθηκαν για κάθε βακτηριακό γένος, ο συντελεστής συσχέτισης (R^2) κυμαίνεται από περίπου 0.4 έως 0.57, γεγονός που υποδεικνύει ότι υπάρχει μία μέτρια συσχέτιση των δεδομένων με τα μοντέλα, που οφείλεται στον μικρό αριθμό των πειραματικών μετρήσεων. Ακόμη, παρατηρήθηκε ότι σε όλα τα μοντέλα όταν αυξάνεται η καταλληλότητα σε κάποια εκ των τριών παραμέτρων που εξετάστηκαν (pH, αναλογία C:N, θερμοκρασία) κατά μία μονάδα προς τις ιδανικές για το βακτήριο συνθήκες, φαίνεται ως πιο πιθανή η μετάβαση στις εξαιρετικές συνθήκες έναντι των υπολοίπων, τονίζοντας τη σημαντικότητα των παραμέτρων αυτών για την επιβίωση των βακτηρίων. Επιπλέον, είναι άξιο αναφοράς ότι στο βακτηριακό γένος *Phenylobacterium* δεν βρέθηκε στατιστική σημαντικότητα όσον αφορά την αλλαγή στην καταλληλότητα του pH, αποτέλεσμα που πιθανόν να οφείλεται στο στενό εύρος μεταξύ των διακριτών χαρακτηριστικών, συγκριτικά με τις ευνοϊκές συνθήκες του βακτηρίου και τα πειραματικά δεδομένα.

Συμπερασματικά, είναι απαραίτητο να διεξαχθούν μελέτες που θα επικεντρώνονται στις επιπτώσεις της κλιματικής αλλαγής στα βακτήρια αυτά και στις επιγενετικές τροποποιήσεις του DNA τους. Με αυτό τον τρόπο, θα ήταν σκόπιμο να συλλεχθούν δείγματα εδαφικού υγρού από περιοχές που έχουν πληγεί από τις συνέπειες της κλιματικής αλλαγής, όπως οι πυρκαγιές και οι πλημμύρες και να διεξαχθεί έρευνα σχετικά με τη σύνθεση των βακτηρίων του εδάφους του φυτικού μικροβιώματος. Κατά συνέπεια, θα αναφερθούν αλλαγές στην αφθονία των κυριότερων βακτηριακών γενών και ίσως να είναι ευκολότερο να εντοπιστούν οι πιθανές επιγενετικές τροποποιήσεις που πραγματοποιούνται στο DNA τους, οι οποίες μπορεί να οδηγήσουν σε νέους φαινοτύπους. Ως αποτέλεσμα, θα υπάρχει η

δυνατότητα εξεύρεσης πιθανών λύσεων προκειμένου να βοηθηθεί το μικροβίωμα του εδάφους ,και κατ' επέκταση τα φυτά, ώστε να μπορούν να επιβιώσουν μετά από τέτοιες καταστροφικές συνθήκες. Επομένως, μέσα από την βιβλιοθήκη των βακτηριακών γενών που υπάρχουν στο μικροβίωμα της ριζόσφαιρας των φυτών που μελετήθηκαν, και με περαιτέρω έρευνα, θα μπορεί να ελέγχεται η παρουσία των πιο συνηθισμένων βακτηριακών γενών σε κάθε καλλιέργεια, με σκοπό τη βελτίωσή της ,εφόσον χρειάζεται, και σε συνδυασμό με τα στατιστικά μοντέλα να κρίνεται η καταλληλότητα ενός εδάφους για την καλλιέργεια ενός φυτού με βάση τα περιβαλλοντικά και φυσικοχημικά του χαρακτηριστικά. Επιπρόσθετα, μέσω των μοντέλων θα μπορεί να προβλεφθεί η συμπεριφορά των βακτηριακών γενών της ριζόσφαιρας μιας καλλιέργειας μετά από μία φυσική καταστροφή (π.χ. πυρκαγιά), ώστε να ληφθούν τα απαραίτητα μέτρα για την επαναφορά του εδάφους στις ιδανικές για τα βακτήρια συνθήκες, και κατ' επέκταση για το φυτό, είτε να προσαρμοστεί το είδος της καλλιέργειας με βάση τα νέα χαρακτηριστικά του εδάφους που ευνοούν συγκεκριμένα βακτηριακά γένη.

5. Βιβλιογραφία

1. Bar-On, Y.M., R. Phillips, and R. Milo, *The biomass distribution on Earth*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2018. **115**(25): p. 6506-6511.
2. Trivedi, P.A.-O., et al., *Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health*. (1740-1534 (Electronic)).
3. Mendes, R., P. Garbeva, and J.M. Raaijmakers, *The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms*. FEMS Microbiology Reviews, 2013. **37**(5): p. 634-663.
4. Soriano-Lerma, A., et al., *Influence of 16S rRNA target region on the outcome of microbiome studies in soil and saliva samples*. Scientific Reports, 2020. **10**(1): p. 13637.
5. Johnson, J.S., et al., *Evaluation of 16S rRNA gene sequencing for species and strain-level microbiome analysis*. Nature Communications, 2019. **10**(1): p. 5029.
6. Mendes, R., J.M. Garbeva P Fau - Raaijmakers, and J.M. Raaijmakers, *The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms*. (1574-6976 (Electronic)).
7. Pantigoso, H.A.-O., D. Newberger, and J.M. Vivanco, *The rhizosphere microbiome: Plant-microbial interactions for resource acquisition*. (1365-2672 (Electronic)).
8. Venkatachalam Lakshmanan, G.S., Harsh P. Bais, *Functional Soil Microbiome: Belowground Solutions to an Aboveground Problem*. Plant Physiology, 2014. **166**: p. 689–700.
9. Qu, Q., et al., *Rhizosphere Microbiome Assembly and Its Impact on Plant Growth*. (1520-5118 (Electronic)).
10. Pantigoso, H.A., D. Newberger, and J.M. Vivanco, *The rhizosphere microbiome: Plant-microbial interactions for resource acquisition*. Journal of Applied Microbiology, 2022. **133**(5): p. 2864-2876.
11. Saeed, Q., et al. *Rhizosphere Bacteria in Plant Growth Promotion, Biocontrol, and Bioremediation of Contaminated Sites: A Comprehensive Review of Effects and Mechanisms*. International Journal of Molecular Sciences, 2021. **22**, DOI: 10.3390/ijms221910529.
12. Admassie, M., F. Assefa, and T. Alemu, *Different mechanism, application, methods and properties of plant growth promoting rhizosphere bacteria*. Appl Microbiol, 2020. **6**: p. 177.
13. Qu, Q., et al., *Rhizosphere Microbiome Assembly and Its Impact on Plant Growth*. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020. **68**(18): p. 5024-5038.
14. Fukuyama, Y., *Proteobacteria*. Advances in Applied Microbiology, 2020.
15. Stackebrandt, E., *Bacterial Biodiversity*. Encyclopedia of Biodiversity (Second Edition), 2001.
16. Boubekri, K., et al., *Multifunctional role of Actinobacteria in agricultural production sustainability: A review*. Microbiological Research, 2022. **261**: p. 127059.
17. Bhatti, A.A., S. Haq, and R.A. Bhat, *Actinomycetes benefaction role in soil and plant health*. (1096-1208 (Electronic)).

18. Kalam, S., et al., *Recent Understanding of Soil Acidobacteria and Their Ecological Significance: A Critical Review*. Frontiers in Microbiology, 2020. **11**.
19. Thweatt, J.L., D.P. Canniffe, and D.A. Bryant, *Chapter Two - Biosynthesis of chlorophylls and bacteriochlorophylls in green bacteria*, in *Advances in Botanical Research*, B. Grimm, Editor. 2019, Academic Press. p. 35-89.
20. Wiegand, S., M. Jogler, and C. Jogler, *On the maverick Planctomycetes*. FEMS Microbiology Reviews, 2018. **42**(6): p. 739-760.
21. Fuerst, J.A. and E. Sagulenko, *Beyond the bacterium: planctomycetes challenge our concepts of microbial structure and function*. Nature Reviews Microbiology, 2011. **9**(6): p. 403-413.
22. Lidbury, I.D.E.A., et al., *Niche-adaptation in plant-associated Bacteroidetes favours specialisation in organic phosphorus mineralisation*. The ISME Journal, 2021. **15**(4): p. 1040-1055.
23. Kim, S.J. and K.K. Kwon, *Bacteroidetes*, in *Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology*, K.N. Timmis, Editor. 2010, Springer Berlin Heidelberg: Berlin, Heidelberg. p. 1813-1817.
24. Rajilić-Stojanović, M. and W.M. de Vos, *The first 1000 cultured species of the human gastrointestinal microbiota. (1574-6976 (Electronic))*.
25. Larsbrink, J. and L.S. McKee, *Bacteroidetes bacteria in the soil: Glycan acquisition, enzyme secretion, and gliding motility. (0065-2164 (Print))*.
26. Schlesner, H., C. Jenkins, and J.T. Staley, *The Phylum Verrucomicrobia: A Phylogenetically Heterogeneous Bacterial Group*, in *The Prokaryotes: Volume 7: Proteobacteria: Delta, Epsilon Subclass*, M. Dworkin, et al., Editors. 2006, Springer New York: New York, NY. p. 881-896.
27. Gupta, R.S., H.S. Bhandari V Fau - Naushad, and H.S. Naushad, *Molecular Signatures for the PVC Clade (Planctomycetes, Verrucomicrobia, Chlamydiae, and Lentisphaerae) of Bacteria Provide Insights into Their Evolutionary Relationships. (1664-302X (Electronic))*.
28. Wertz, J.T., et al., *Genomic and physiological characterization of the Verrucomicrobia isolate Geminisphaera colitermitum gen. nov., sp. nov., reveals microaerophily and nitrogen fixation genes. (1098-5336 (Electronic))*.
29. Matthias Wolf, T.M., Thomas Dandekar and J. Dennis Pollack, *Phylogeny of Firmicutes with special reference to Mycoplasma (Mollicutes) as inferred from phosphoglycerate kinase amino acid sequence data*. IJSEM, 2004. **54**(3): p. 871-875.
30. Ramos, L.R., et al., *Firmicutes in different soils of Admiralty Bay, King George Island, Antarctica*. Polar Biology, 2019. **42**(12): p. 2219-2226.
31. Mandic-Mulec, I. and J.I. Prosser, *Diversity of Endospore-forming Bacteria in Soil: Characterization and Driving Mechanisms*, in *Endospore-forming Soil Bacteria*, N.A. Logan and P. Vos, Editors. 2011, Springer Berlin Heidelberg: Berlin, Heidelberg. p. 31-59.
32. Lee, S.-M., et al., *Disruption of Firmicutes and Actinobacteria abundance in tomato rhizosphere causes the incidence of bacterial wilt disease*. The ISME Journal, 2021. **15**(1): p. 330-347.
33. DeBruyn Jennifer, M., et al., *Global Biogeography and Quantitative Seasonal Dynamics of Gemmatimonadetes in Soil*. Applied and Environmental Microbiology, 2011. **77**(17): p. 6295-6300.

34. Zeng, Y., et al., *Characterization of the microaerophilic, bacteriochlorophyll a-containing bacterium Gemmatimonas phototrophica sp. nov., and emended descriptions of the genus Gemmatimonas and Gemmatimonas aurantiaca*. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015. **65**(Pt_8): p. 2410-2419.
35. Zhang, H., et al., *Gemmatimonas aurantiaca gen. nov., sp. nov., a Gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating micro-organism, the first cultured representative of the new bacterial phylum Gemmatimonadetes phyl. nov.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2003. **53**(4): p. 1155-1163.
36. Takaichi, S., et al., *Carotenoids of Gemmatimonas aurantiaca (Gemmatimonadetes): identification of a novel carotenoid, deoxyoscillol 2-rhamnoside, and proposed biosynthetic pathway of oscillol 2,2'-dirhamnoside*. Microbiology, 2010. **156**(3): p. 757-763.
37. Zeng, Y., et al., *Functional type 2 photosynthetic reaction centers found in the rare bacterial phylum Gemmatimonadetes*. (1091-6490 (Electronic)).
38. Nanetti, E., et al., *Composition and biodiversity of soil and root-associated microbiome in Vitis vinifera cultivar Lambrusco distinguish the microbial terroir of the Lambrusco DOC protected designation of origin area on a local scale*. Frontiers in Microbiology, 2023. **14**.
39. Wang, C., et al., *Bacterial genome size and gene functional diversity negatively correlate with taxonomic diversity along a pH gradient*. Nature Communications, 2023. **14**(1): p. 7437.
40. Piton, G., et al., *Life history strategies of soil bacterial communities across global terrestrial biomes*. Nature Microbiology, 2023. **8**(11): p. 2093-2102.
41. Sánchez-Romero, M.A. and J. Casadesús, *The bacterial epigenome*. Nature Reviews Microbiology, 2020. **18**(1): p. 7-20.
42. Riber, L. and L.H. Hansen, *Epigenetic Memories: The Hidden Drivers of Bacterial Persistence?* Trends in Microbiology, 2021. **29**(3): p. 190-194.
43. Madlung, A. and L. Comai, *The Effect of Stress on Genome Regulation and Structure*. Annals of Botany, 2004. **94**(4): p. 481-495.
44. Lephatsi, M.M., et al. *Plant Responses to Abiotic Stresses and Rhizobacterial Biostimulants: Metabolomics and Epigenetics Perspectives*. Metabolites, 2021. **11**, DOI: 10.3390/metabo11070457.
45. Chen, C., et al., *Long-term effect of epigenetic modification in plant–microbe interactions: modification of DNA methylation induced by plant growth-promoting bacteria mediates promotion process*. Microbiome, 2022. **10**(1): p. 36.
46. Surówka, E., M. Rapacz, and F. Janowiak, *Climate Change Influences the Interactive Effects of Simultaneous Impact of Abiotic and Biotic Stresses on Plants*, in *Plant Ecophysiology and Adaptation under Climate Change: Mechanisms and Perspectives I: General Consequences and Plant Responses*, M. Hasanuzzaman, Editor. 2020, Springer Singapore: Singapore. p. 1-50.
47. Stone, B.A.-O., et al., *Life history strategies among soil bacteria-dichotomy for few, continuum for many*. (1751-7370 (Electronic)).
48. Dubey, A., et al., *Soil microbiome: a key player for conservation of soil health under changing climate*. Biodiversity and Conservation, 2019. **28**(8): p. 2405-2429.

49. Lee, E.-Y., et al., *Global proteomic profiling of native outer membrane vesicles derived from Escherichia coli*. PROTEOMICS, 2007. **7**(17): p. 3143-3153.
50. Deatherage Brooke, L. and T. Cookson Brad, *Membrane Vesicle Release in Bacteria, Eukaryotes, and Archaea: a Conserved yet Underappreciated Aspect of Microbial Life*. Infection and Immunity, 2012. **80**(6): p. 1948-1957.
51. Hong, J.A.-O., et al., *Analysis of the Escherichia coli extracellular vesicle proteome identifies markers of purity and culture conditions*. (2001-3078 (Print)).
52. IPCC.2014, Core Writing Team, Pachauri RK, Meyer LA, eds. *Climate change2014: synthesis report. Contribution of working groups I, II and III to the fifth assessment report of the intergovernmental panel on climate change*. Geneva, Switzerland: IPCC.
53. Trivedi, P., et al., *Plant–microbiome interactions under a changing world: responses, consequences and perspectives*. New Phytologist, 2022. **234**(6): p. 1951-1959.
54. Malik, A.A., et al., *Defining trait-based microbial strategies with consequences for soil carbon cycling under climate change*. The ISME Journal, 2020. **14**(1): p. 1-9.
55. Naylor, D., et al., *Soil Microbiomes Under Climate Change and Implications for Carbon Cycling*. Annual Review of Environment and Resources, 2020. **45**(1): p. 29-59.
56. *Impact of global change on the plant microbiome*. New Phytologist forum, 2022. **234**: p. 1907-1909.
57. Giglio, L., et al., *Global estimation of burned area using MODIS active fire observations*. Atmos. Chem. Phys., 2006. **6**(4): p. 957-974.
58. Johnson, D.B., et al., *Experimentally determined traits shape bacterial community composition one and five years following wildfire*. Nature Ecology & Evolution, 2023. **7**(9): p. 1419-1431.
59. Cao, Y., et al., *Copper stress in flooded soil: Impact on enzyme activities, microbial community composition and diversity in the rhizosphere of Salix integra*. Science of The Total Environment, 2020. **704**: p. 135350.
60. Majhi, P.K., et al., *Future-Proofing Plants Against Climate Change: A Path to Ensure Sustainable Food Systems*, in *Biodiversity, Functional Ecosystems and Sustainable Food Production*, C.M. Galanakis, Editor. 2023, Springer International Publishing: Cham. p. 73-116.
61. Martín-Rodríguez, A.J., *Respiration-induced biofilm formation as a driver for bacterial niche colonization*. Trends in Microbiology, 2023. **31**(2): p. 120-134.
62. Shen, R., et al., *Flooding variations affect soil bacterial communities at the spatial and inter-annual scales*. Science of The Total Environment, 2021. **759**: p. 143471.
63. Kakagianni, M., et al., *Above- and below-ground microbiome in the annual developmental cycle of two olive tree varieties*. FEMS Microbes, 2023. **4**.
64. Gobbi, A., et al., *A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs*. Communications Biology, 2022. **5**(1): p. 241.
65. Obayomi, O., et al., *Soil texture and properties rather than irrigation water type shape the diversity and composition of soil microbial communities*. Applied Soil Ecology, 2021. **161**: p. 103834.
66. Hewitt, S., et al., *Metatranscriptomic analysis of tomato rhizospheres reveals insight into plant-microbiome molecular response to biochar-amended organic soil*. Frontiers in Analytical Science, 2023. **3**.

67. Su, J., et al., *Soil conditions and the plant microbiome boost the accumulation of monoterpenes in the fruit of Citrus reticulata 'Chachi'*. Microbiome, 2023. **11**(1): p. 61.
68. Custer, G.F., L.T.A. van Diepen, and W. Stump *An Examination of Fungal and Bacterial Assemblages in Bulk and Rhizosphere Soils under Solanum tuberosum in Southeastern Wyoming, USA*. Applied Microbiology, 2021. **1**, 162-176 DOI: 10.3390/applmicrobiol1020013.
69. Edwards, J., et al., *Soil domestication by rice cultivation results in plant-soil feedback through shifts in soil microbiota*. Genome Biology, 2019. **20**(1): p. 221.
70. Xu, J., et al., *The structure and function of the global citrus rhizosphere microbiome*. Nature Communications, 2018. **9**(1): p. 4894.
71. Zhang, M., et al., *Responses of soil microbial community structure, potential ecological functions, and soil physicochemical properties to different cultivation patterns in cucumber*. Geoderma, 2023. **429**: p. 116237.
72. Ma, L., et al., *New insights into the occurrence of continuous cropping obstacles in pea (Pisum sativum L.) from soil bacterial communities, root metabolism and gene transcription*. BMC Plant Biology, 2023. **23**(1): p. 226.
73. Chartrel, V., et al., *The microbial community associated with pea seeds (Pisum sativum) of different geographical origins*. Plant and Soil, 2021. **462**(1): p. 405-427.
74. Simonin, M., et al., *Influence of plant genotype and soil on the wheat rhizosphere microbiome: evidences for a core microbiome across eight African and European soils*. FEMS Microbiology Ecology, 2020. **96**(6).
75. Kwak, C. and A. Clayton-Matthews, *Multinomial Logistic Regression*. Nursing Research, 2002. **51**(6).
76. Zboralski, A. and M. Filion, *Genetic factors involved in rhizosphere colonization by phytobeneficial Pseudomonas spp.* Computational and Structural Biotechnology Journal, 2020. **18**: p. 3539-3554.
77. Hu, D., et al., *Streptomyces sp. strain TOR3209: a rhizosphere bacterium promoting growth of tomato by affecting the rhizosphere microbial community*. Scientific Reports, 2020. **10**(1): p. 20132.
78. Beauregard, P.B., et al., *Bacillus subtilis biofilm induction by plant polysaccharides*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2013. **110**(17): p. E1621-E1630.
79. Errington, J., *Regulation of endospore formation in Bacillus subtilis*. Nature Reviews Microbiology, 2003. **1**(2): p. 117-126.
80. Radutoiu, S., et al., *LysM domains mediate lipochitin-oligosaccharide recognition and Nfr genes extend the symbiotic host range*. (0261-4189 (Print)).
81. van Kessel, M.A.H.J., et al., *Complete nitrification by a single microorganism*. Nature, 2015. **528**(7583): p. 555-559.
82. Chhetri, G., et al., *Devosia rhizoryzae sp. nov., and Devosia oryziradicis sp. nov., novel plant growth promoting members of the genus Devosia, isolated from the rhizosphere of rice plants*. Journal of Microbiology, 2022. **60**(1): p. 1-10.
83. Liu, C., et al., *Responses of microbial communities and metabolic activities in the rhizosphere during phytoremediation of Cd-contaminated soil*. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020. **202**: p. 110958.

84. Zhang, H., et al., *Sphingomonas suaedae* sp. nov., a chitin-degrading strain isolated from rhizosphere soil of *Suaeda salsa*. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2020. **70**(6): p. 3816-3823.
85. Xu, L., et al., *Flavobacterium alkalisoli* sp. nov., isolated from rhizosphere soil of *Suaeda salsa*. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2020. **70**(6): p. 3888-3898.
86. Chen, L., et al., *Dyadobacter luteus* sp. nov., isolated from rose rhizosphere soil. Archives of Microbiology, 2020. **202**(1): p. 191-196.
87. Zhang, Y., et al. *Mechanisms Underlying the Rhizosphere-To-Rhizoplane Enrichment of Cellvibrio Unveiled by Genome-Centric Metagenomics and Metatranscriptomics*. Microorganisms, 2020. **8**, DOI: 10.3390/microorganisms8040583.
88. Berrios, L., *The genus Caulobacter and its role in plant microbiomes*. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2022. **38**(3): p. 43.
89. Kirkpatrick, C.L. and P.H. Viollier, *Decoding Caulobacter development*. FEMS Microbiology Reviews, 2012. **36**(1): p. 193-205.
90. Ma Y, L.X., Wang F, Zhang L, Zhou S, Che X, et al, *Structural and biochemical characterization of the key components of an auxin degradation operon from the rhizosphere bacterium Variovorax*. PLoS Biology, 2023. **21**(7).
91. Lasa, A.V., et al., *Correlating the above- and belowground genotype of Pinus pinaster trees and rhizosphere bacterial communities under drought conditions*. Science of The Total Environment, 2022. **832**: p. 155007.