分子植物卓越中心等揭示丛枝菌根共生与根瘤共生的协同进化机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12063.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

12月9日，*Molecular Plant*在线发表中国科学院分子植物科学卓越创新中心王二涛研究组及合作团队完成的研究论文*Mycorrhizal Symbiosis Modulates the Rhizosphere Microbiota to Promote Rhizobia Legume Symbiosis*，该研究通过定量微生物组、微生物共发生网络及微生物群回接实验等，揭示丛枝菌根共生与根瘤共生系统在植物根际层面的互作机制。

陆生植物根系与微生物建立多种多样的共生关系，例如，超过80%的陆生植物可以与丛枝菌根（arbuscular mycorrhizal, AM）真菌形成共生关系，其中豆科植物还可以与根瘤菌形成共生固氮关系。AM共生与根瘤共生可通过提高植物对磷和氮的获取能力，从而协同促进植物生长。AM真菌作为陆地生态系统的重要组成部分，是生态系统碳循环的关键环节。此外，AM真菌通过菌丝网络在地下连接植物，构成一个巨大网络，并影响植物的多样性。植物根系与微生物建立共生是长期共进化的过程。丛枝菌根共生形成于4亿6千万年前，其共生信号通路被豆科植物进一步利用，参与建立豆科植物与固氮根瘤菌的共生。然而，对AM真菌与根瘤菌在陆地生态系统中的相互作用和协同进化却知之甚少。

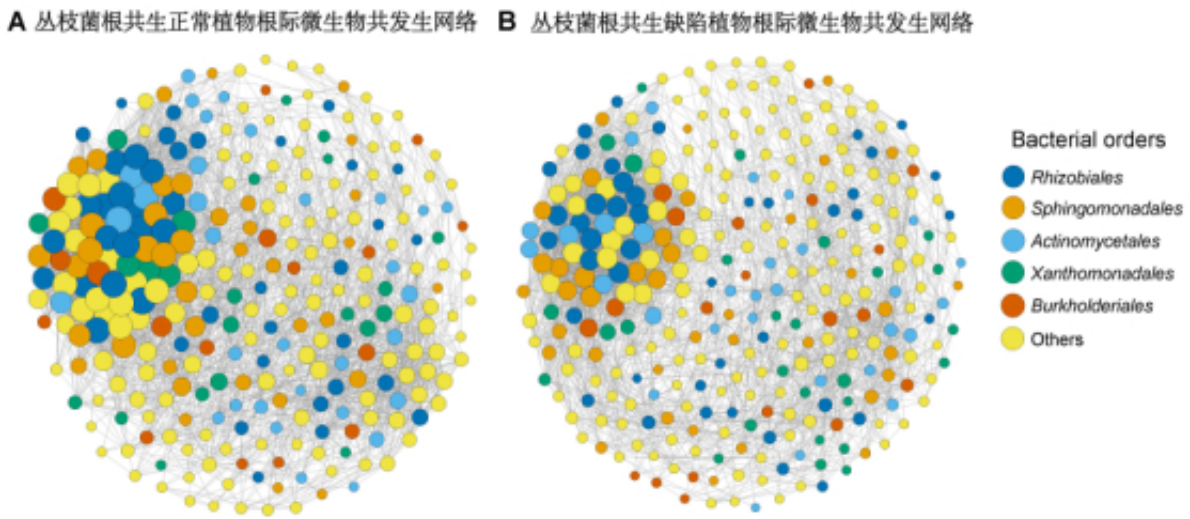
生物间的协同进化依赖于相互作用，特别是生物体之间的合作和竞争。根周围的区域称为根际，该微环境代表了植物-微生物和微生物-微生物相互作用的主要生态位。植物根际微生物组被誉为植物的第二基因组，其对于植物的生长发育和环境适应至关重要。传统的根际微生物组研究主要通过细菌16S *rRNA*基因或真菌核糖体DNA内转录间隔区（internal transcribed spacers, ITS）序列的高通量测序来评估微生物种群的相对丰度，但该方法无法提供样品中微生物的绝对丰度，阻碍了跨界微生物间（如AM真菌与根瘤菌）相互作用的研究。实验室前期基于微生物群定量分析（quantitative microbiota profiling, QMP）发现，根际土中细菌的数目是根外土的近10倍，且主要菌门在根际土中的绝对丰度都被显著扩增，基于此，研究提出“扩增-筛选”的根际微生物组的组装新模型（*An amplification-selection model for quantified rhizosphere microbiota assembly, Science Bulletin*, 2020）。

该研究在自然土壤条件下种植野生型蒺藜苜蓿以及AM共生和/或根瘤共生缺陷的突变体，通过16S *rRNA*

基因高通量测序和微生物群定量等研究了根际和根样本中的细菌微生物含量。研究发现，菌根共生缺陷显著降低了细菌微生物群——根瘤菌目尤为明显——在植物根际的增殖，并改变了根际及根内微生物组的种群结构。基于微生物共发生网络分析发现根瘤菌目的细菌在菌根共生正常的植物根际中处于核心地位，菌根共生的缺失影响了该网络的稳定性。研究进一步通过根瘤菌rpoB基因和AM真菌SSU
rRNA
基因的高通量测序和微生物群定量研究了根际微环境中AM共生与根瘤共生之间的相互作用，发现AM共生可以促进多种共生根瘤菌种群在根际的增殖。根际微生物群回接研究表明，AM共生影响的微生物群落可以促进自然土壤中不同豆科植物结瘤。研究发现，豆科植物与根瘤菌共生关系的建立是植物-根瘤菌-环境三者相互作用的结果，AM真菌庞大的菌丝网络在给植物提供营养的同时，也帮助植物根系富集根瘤菌，促进豆科植物与根瘤菌的共生。该研究从根际层面揭示了丛枝菌根共生与根瘤共生在植物适应陆地环境过程中的协同进化。

该研究工作由分子植物卓越创新中心王二涛研究组与深圳华大生命科学研究院高级工程师刘欢研究组、河南大学教授张学斌研究组合作完成。分子植物卓越中心博士王孝林为论文第一作者，王二涛、刘欢和张学斌为论文的共同通讯作者。研究工作得到中科院、国家自然基金委员会和国家基因库的资助。

论文链接



分子植物卓越中心等揭示丛枝菌根共生与根瘤共生的协同进化机制

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发