
分子植物卓越中心等提出“农业精准微生物组”概念

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20310.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！

分子植物卓越中心等提出“农业精准微生物组”概念

。10月7日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心王二涛研究组和深圳华大生命科学院合作，在《自然-通讯》（*Nature Communications*）上，发表了题为 *GWAS, MWAS and mGWAS provide insights into precision agriculture based on genotype-dependent microbial effects in foxtail millet*

的研究论文。该研究以谷子为模型，揭示了基因型、根系微生物组与农艺性状之间的互作网络，提出植物“农业精准微生物组”概念，为农业微生物组的精准施用奠定了理论基础。

全基因组关联研究（genome-wide association studies, GWAS）促进了科学家对植物基因型-表型关联的理解，但基因型往往不能完全解释种群内的表型变异。植物根系微生物群可影响植物的表型及其对环境的适应性，被誉为植物的第二基因组，但其对植物的表型和环境适应性的影响在遗传育种中被长期忽视。该研究基于827份谷子的基因型、根系生物群和生长及产量等表型数据，通过整合GWAS、微生物组关联研究（microbiome-wide association studies, MWAS）和微生物组-植物基因组关联研究（microbiome-genome association studies, mGWAS）等综合分析方法，探究哪些“标记微生物”与哪些“标记基因”决定植物表型，这对提高作物产量颇为重要。

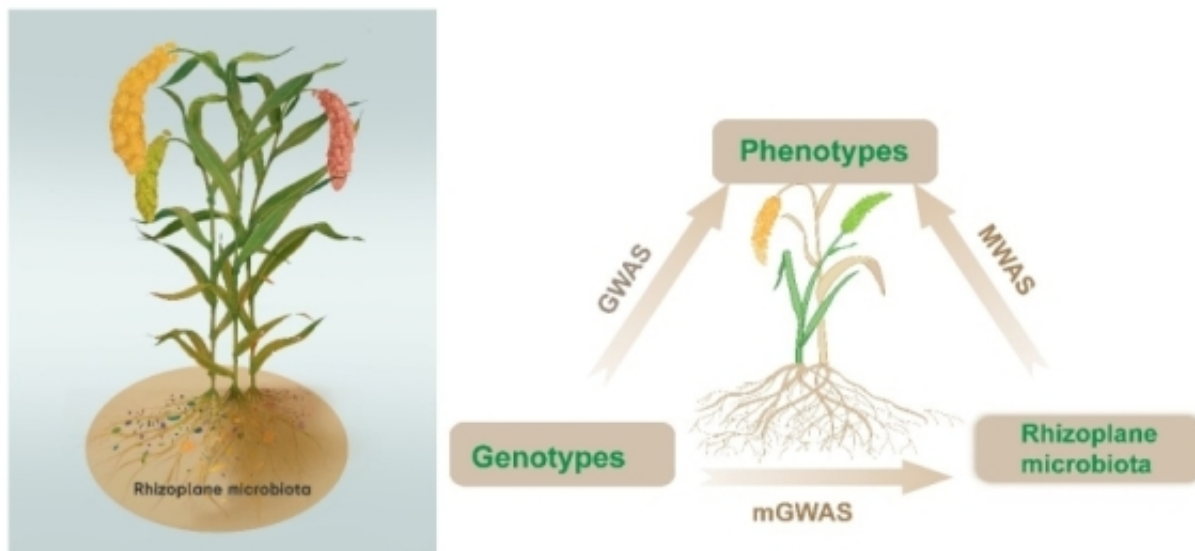
该研究通过构建数学模型，量化了谷子基因型SNPs与根系微生物群对谷子生长和产量的影响。研究发现，谷子基因型可以解释产量性状（如单株粒重）34.10%的变化，微生物可以解释43.31%的变化，基因型和微生物一起可以解释55.87%的变化，表明谷子基因型与微生物组共同决定谷子的生长和产量性状。

科研团队基于SNPs全基因组关联分析的方法，计算不同微生物单元（operational taxonomic unit, OTU）的遗传力，发现根系微生物群的组成变化主要由植物免疫、代谢产物合成、激素信号传导及养分吸收相关的基因来驱动。其中，宿主免疫基因FLS2和转录因子bHLH35与谷子根系微生物类群广泛关联。比较分析发现，谷子的遗传类群与高粱和玉米的遗传类群高度重叠，表明植物及其微生物群在宿主间具有相似的共进化模式。该研究构建“谷子基因型-标记微生物群-谷子农艺表型”三角互作网络，并通过对网络的关键节点进行菌株接种验证，发现根系微生物调控作物农艺性状依赖宿主植物的基因型。基于此，研究提出了“农业精准微生物组”概念。

在未来的农业系统中，科学家通过精准的微生物组管理设计高产的栽培品种和高效的微生物接种剂，以改善植物-根系微生态互作为方向育种，将更高效地提升农作物产量。研究工作得到国家

自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)



谷子基因型-标记微生物-谷子农艺性状之间的互作网络

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](https://www.iikx.com)转发