
育种新途径：谷子高产靠微生物

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20448.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！

育种新途径：谷子高产靠微生物。

微生物被称为地球之王，几乎与所有动植物生长生活息息相关。但相同物种不同基因型品种对微生物的互作是否有选择性，有待深入研究。

10月8日，中国科学家在国际学术期刊《自然—通讯》(Nature Communications)发表了研究论文，基于827份不同品种谷子基因组的遗传变异数据、根表微生物数据，12种生长和产量表型数据，整合全基因组关联分析、宏基因组关联分析和微生物组全基因组关联分析，揭示了谷子基因型、根系微生物组与农艺性状之间的互作网络，并首次提出基因型依赖的微生物效应。

谷子产量关键基因尚未找到

粟(*Setaria italica*)为禾本科狗尾草属一年生草本植物，子实为圆形或椭圆形小粒，北方统称谷子，去皮后称小米。谷子是中国古代的五谷之首，是哺育中华民族的作物，中国也是世界上种植谷子最大的起源中心。

论文共同通讯作者、深圳华大生命科学研究院(以下简称华大)农业基因组学国家重点实验室副主任刘欢研究员告诉《中国科学报》，谷子属抗旱作物，耐瘠薄、水利用效率高、适应性广、肥地/瘦地上都能播种，稳产性强，化肥农药用量少，是典型的环境友好型作物。因此，谷子是重要的战略储备作物，在干旱形势日益严重的情形下，谷子具有重新成为主栽作物和主要粮食作物的潜力。

从2009年起，华大就开始以谷子作为模式植物的研究。通过大规模的谷子基因资源挖掘，相续完成谷子基因组测序、分子标记开发、遗传图谱构建以及重要农艺性状的定位。基于全基因组育种技术，育成多个抗除草剂品种和不育系。

在实际生产中，作物的生长和产量除了受基因型的影响之外，还受到生物和非生物环境因子的影响。在过去的20

年中，通过全基因组关联研究，科学家们已经破译了多种农作物生长发育和高产的基因的位点。

然而，作物的基因型似乎不足以解释所有农艺性状的变异，使得人们无法直接通过基因工程和育种来提高作物的产量和品质。迄今为止，科学家仍然没有找到决定谷子产量的关键性基因位点。因此，理解谷子遗传和环境因素对产量的影响就显得更为重要。刘欢说。

论文共同通讯作者、中科院植物分子科学卓越创新中心研究员王二涛介绍，植物自定植于陆地以

来，便与微生物形成密切的共生关系，微生物可以扩大其植物宿主的基因组和代谢潜能，改善植物的健康，提高植物的产量以及促进农业系统的可持续性。像人的肠道微生物组被称为人体的第二套基因组一样，植物微生物组也被认为是植物的第二套基因组。

刘欢说，通过研究植物基因型与微生物组之间的关系，探究植物与微生物潜在的互作机制，有助于深入理解根系微生物群落构建的生态过程，通过调节与植物基因型相关的微生物组成，可定向改善植物对环境的适应性和生产力。因此了解哪些标记微生物以及哪些标记基因影响植物的表型对于提高作物的产能至关重要。

谷子与根际微生物携手进化

植物相关微生物群落的构建并不是随机的，而是受到植物基因型的影响，但其潜在的互作机制并不清楚。王二涛说，部分微生物对基因型的变化较敏感，其组成的变化与植物基因型显著相关，称为可遗传微生物。

刘欢解释说，植物周围的微生物会受到植物根系分泌物、激素以及免疫的影响，不同基因型的植物其根系周围的微环境会有所不同，因此可以通过与微生物的定向互作来调节其根系微生物的组成。植物可以通过基因型定向的影响部分特定的微生物类群在其根系周围定植，相同的互作模式会在下一代的植物与环境微生物中重复。

论文共同第一作者、华大王亚玉博士介绍，因为植物可以通过根系分泌物、免疫以及激素调节其周围微生物的组成，所以他们假设微生物是植物的一种表型。通过mGWAS的方法，他们挖掘到来自植物免疫、代谢产物合成、激素信号传导以及养分吸收相关的基因与微生物的组成变化显著相关。但是这些基因是否真正调节微生物组成还需要通过植物突变体实验来进一步验证。

他们还鉴定出6种关键农艺性状显著相关的微生物，通过田间分离微生物菌株，证实微生物标志物介导促进或抑制生长的效应，且不同微生物标志物促生长的机理具有菌株特异性。

论文共同第一作者、中科院植物分子科学卓越创新中心博士后王孝林说，他们将谷子根表的^{可遗传微生物}与高粱和玉米的根际^{可遗传微生物类群}进行了比较。结果发现，玉米、高粱和谷子这三种禾本科作物根际的前100种^{高可遗传微生物类群}绝大部分都来自于芽孢杆菌目、放线菌目、伯克氏菌目、根瘤菌目、粘球菌目、鞘氨醇杆菌目和黄单胞菌目这7个细菌目，说明来自这些目的微生物对玉米，高粱以及谷子基因组的遗传变异比较敏感。

谷子的高可遗传微生物与高粱和玉米高度重叠，说明植物与其微生物群之间存在相似的共进化关系。王孝林说。

将助力挖掘高产谷子的育种进程

为了进一步了解谷子根表微生物的基因调控机制，他们筛选到宿主免疫相关的基因FLS2和转录因子bHLH35，与不同的微生物类群的组成变化显著相关。

刘欢解释说，FLS2是植物的一种免疫反应相关基因，通过感应细菌的鞭毛蛋白FLG22,从而引发植物一系列的免疫反应，参与到植物与微生物的互作中。而bHLH35是一类转录因子，参与到植物响应寒冷、干旱以及生物胁迫压力的过程，可以促进植物对干旱的耐受力。

根据mGWAS的分析结果，他们发现，免疫相关的基因FLS2和转录因子bHLH35与大部分的微生物组成变化都显著相关，广泛参与植物微生物群落组成形成的过程。说明他们可能通过植物免疫调节和生物胁迫反应的方式来影响根表微生物的组成变化。

王二涛则强调，不过，还有一些基因只与特定的微生物类群显著相关，只与一种微生物产生互作。植物依然会通过不同的基因与特定的微生物类群进行互作。

随后，他们分别将具有促进和抑制生长作用的标记微生物接种到与之相关的不同基因型的谷子品种里。

例如，相同的促生菌株接种到等位基因型谷子品种里，其促生效果显著高于接种到参考基因型的谷子品种，说明这种促生菌的促生效果受到基因型的影响。而相同的抑制生长的菌株接种到等位基因型谷子品种里，其抑制生长的效果显著高于接种到参考基因型的谷子品种，说明该菌株抑制生长的效果受到基因型的影响。

简单说，微生物对不同品种谷子生长的促进和抑制作用与谷子的基因型有关，微生物与谷子基因型的互作，影响其作用的效果。刘欢说。

该团队探究了植物与微生物组之间的互作机理，有助于深入理解根系微生物群落构建的生态过程，通过调节与植物基因型相关的微生物组成，可定向改善植物对环境的适应性和生产力。在未来的农业系统中，可通过精准的微生物组管理设计高产的栽培品种，向着改善植物-根系微生态互作的方向育种，将更加高效地促进农作物产量的提升。

我们在植物基因型与根系微生物互作研究领域走出的第一步，将进一步孵化完善精准种植模式，把DNA层面的精准育种和微生物生态肥料、水肥一体化、全程田间管理、精准播种等现代种植技术相结合，建设标准化种植的示范区，促使作物生产最大化。刘欢说。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-022-33238-4>

作者：刘欢等 来源：《自然—通讯》

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