
南京土壤所在根际微生物与植物互作研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2839.html>

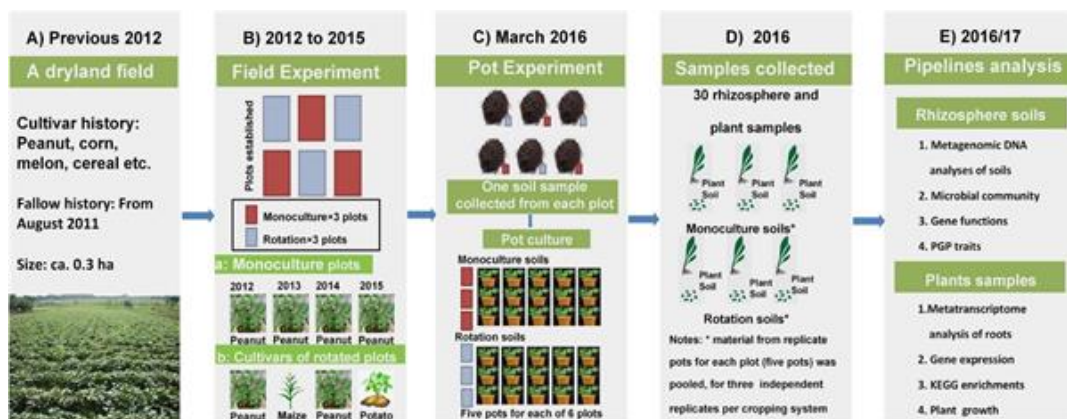
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

南京土壤所在根际微生物与植物互作研究中取得进展。根际微生物号称植物的第二基因组，与植物的生长和健康密切相关。植物生长过程中将分泌高达21%的光合产物进入根际微域，它是土壤微生物群落的重要营养来源，影响植物根际的组装过程。几十年来，很多研究揭示了根际微生物中的典型功能类群，如共生根瘤菌、菌根真菌以及致病菌作用植物生长、健康的机制，而根际微生物群落水平如何影响植物生长发育过程鲜有报道，其主要难点在于根际微生物组成复杂、多样，且与植物生长和健康密切相关，往往不是单个微生物种群。

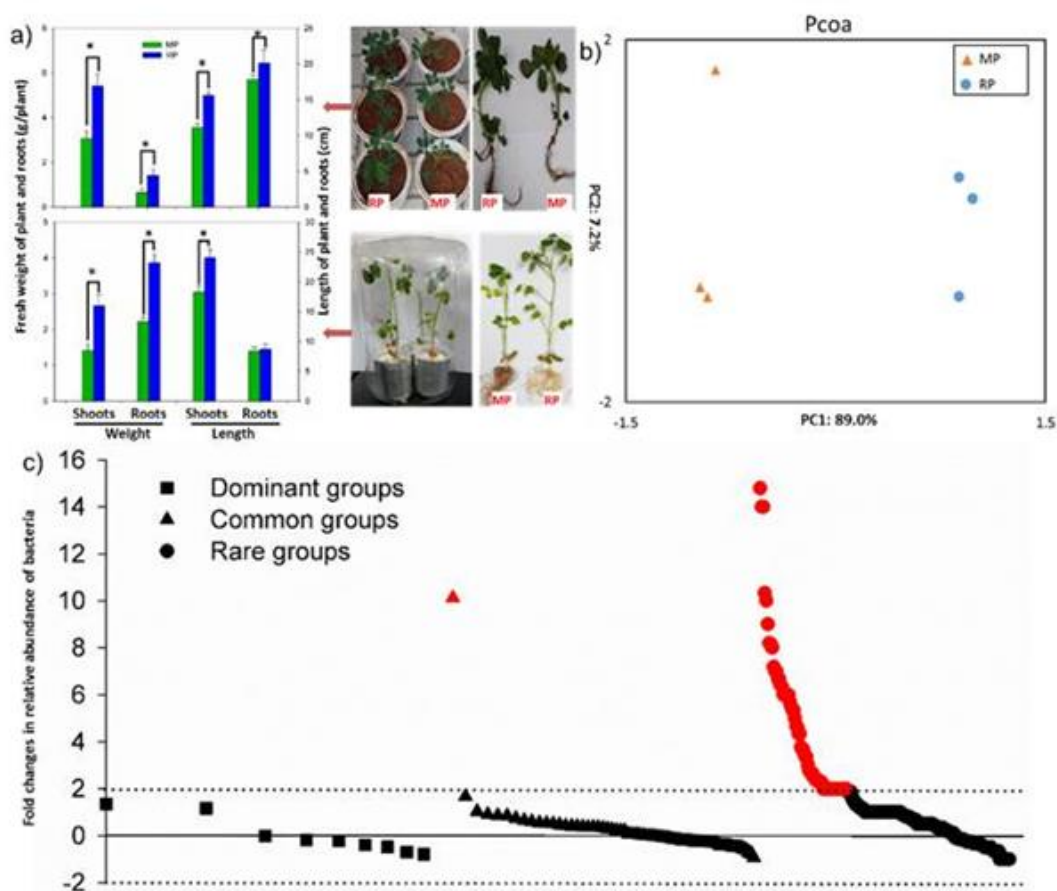
中国科学院南京土壤研究所王兴祥课题组副研究员李孝刚以不同栽培历史的土壤为对象，通过宏基因组测序和植物转录组分析，深入解析了花生根际微生物群落组成、功能与植物生长发育的关系。发现不同栽培历史显著影响了花生根际微生物的组装过程，其中稀有类群(相对丰度<0.1%)对栽培历史响应更为敏感。表现为稀有类群在连作花生根际大量富集，35个稀有类群属富集程度较高，是其在轮作模式下丰度的5倍之多。这些微生物类群的富集与其喜好花生根系分泌物特定组分密切相关。结合相关文献，首次较全面构建了与植物促生功能相关的基因文库，包含了250多个促生基因，涵盖的功能有与根际氮、磷、硫等养分循环，植物激素和铁载体合成，抗菌物质以及抗氧化代谢等;发现根际微生物群落参与这些促生功能的多数基因丰度明显降低，是导致连作花生生长受限的重要原因;植物激素信号代谢途径(plant hormone signaling pathways)分析发现，连作花生体内与植物生长素和细胞分裂素相关的基因明显下调，而与脱落酸、水杨酸、茉莉酸和乙烯合成有关的基因上调。以上结果表明，种植模式可通过定向选择土壤特定微生物群落影响后茬作物生长发育，这为农业生产实践中如何调控土壤微生物组提升作物产量提供了新思路。

该研究成果发表在The ISME journal上。研究得到国家自然科学基金(41671306)、国家重点研发计划(2017YFD0200604)和研究所创新前沿项目(ISSASIP1632)的资助。

文章链接



实验设计及相关分析流程



花生根际微生物组成及其对花生生长发育的影响

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

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发