研究揭示水稻驯化与微生物组选择耦合机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/42390.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！

研究揭示水稻驯化与微生物组选择耦合机制
。根际微生物是促进植物养
分获取和提高氮素利用效率的重要资源。
当前，如何在作物驯化过程中恢复特殊功能微生物组以服务于栽培作物产能提升，是农业生态领域关的焦点。

近日，中国科学院东北地理与农业生态研究所等以野生稻与栽培稻为材料，利用根际微生物组分析、水稻群体基因组分析、遗传连锁定位以及合成菌群验证，解析了水稻亲本和杂交子代之间微生物选择的基本规律。研究证实，野生亲本募集的特定功能微生物类群可以在部分子代中有保留效应。该结果初步揭示了功能微生物类群与植物基因之间的耦合关系。

研究聚焦水稻OsRLK基因及其偶联的微生物类群Acinetobacter，利用植物突变材料与合成菌群进一步验证了基因调控下的Acinetobacter在根际的富集效应，证实其可通过提高nifH丰度和固氮酶相关蛋白表达，影响宿主水稻的氮利用情况。

研究揭示了通过野生作物和栽培作物遗传杂交手段来调控子代对微生物募集效应，进而影响宿主植物养分吸收功能的机制，为挖掘和利用野生作物微生物组资源提高栽培作物产能开辟了新路径，也为黑土地微生物组定向培育、合理构建地下—地上协同增效与产能提升技术体系奠定了理论基础。

相关研究成果在线发表在《自然-微生物学》（*Nature Microbiology*）上。研究工作得到中国博士后科学基金和吉林省自然科学基金等的支持。

论文链接

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

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