
遗传发育所揭示籼粳稻根系微生物组与氮肥利用效率的关系

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5059.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！

遗传发育所揭示籼粳稻根系微生物组与氮肥利用效率的关系。在土壤中，植物的根系除了固着植物并作为吸收水分和营养的器官以外，还是微生物聚集栖息和繁衍的场所。这些微生物及其相互关系系统称为根系微生物组。这些根系微生物伴随着植物的整个生长周期，帮助植物吸收营养、抵抗病害和适应胁迫环境。亚洲栽培稻 (*Oryza sativa* L.) 主要分为籼稻和粳稻两个亚种。相比粳稻，籼稻通常表现出更高的氮肥利用效率。已有研究表明，籼稻中的一些基因如NRT1.1B的自然变异在提高籼稻氮肥利用效率中起着非常重要的作用。然而，水稻籼粳亚种间根系微生物组成是否影响其氮肥利用效率仍不清楚。

中国科学院遗传与发育生物学研究所白洋课题组与储成才课题组合作，通过比较田间生长的68个籼稻和27个粳稻品种，发现籼稻和粳稻形成了显著不同的根系微生物组。籼稻根系富集的微生物组的多样性明显高于粳稻，且根系富集微生物组的特征可以作为区分籼粳稻的生物标志。有意思的是，籼稻根系比粳稻富集更多与氮循环相关的微生物类群，从而具有更加活跃的氮转化环境，这可能是导致籼稻氮肥利用效率高于粳稻的重要原因之一。通过遗传学实验发现，NRT1.1B的缺失和籼粳间的自然变异显著影响水稻根系微生物组，而这些微生物大部分具有与氮循环相关的功能。因此，水稻通过NRT1.1B调控根系具有氮转化能力的微生物，从而改变根际微环境，进而影响籼粳稻田氮肥利用效率。

研究者通过改进后的高通量微生物分离培养和鉴定体系，成功分离培养了水稻根系70%的细菌种类，建立了首个系统的水稻根系细菌资源库。利用水稻根系细菌资源库人工重组了籼稻和粳稻特异富集菌群，发现籼稻富集菌群比粳稻富集菌群能够更好地促进水稻在有机氮条件下的生长，进一步证实了籼稻与粳稻氮肥利用效率的差异与根系微生物组有关。

该项研究不仅揭示了水稻亚种间根系微生物组与其氮肥利用效率的关系，证明了NRT1.1B在调控水稻根系微生物组的关键作用;更为重要的是，建立了第一个水稻根系可培养的细菌资源库，为研究根系微生物组与水稻互作及功能奠定了重要基础，同时也为应用有益微生物、减少氮肥的施用奠定了基础。该项研究成果于4月29日在线发表于《自然-生物技术》杂志(Nature Biotechnology, doi: 10.1038/s41587-019-0104-4)。白洋组博士后张婧赢、工程师刘永鑫、博士生张娜，储成才组副研究员胡斌和华大基因的金桃为共同第一作者，储成才和白洋为共同通讯作者。该研究得到中科院战略性先导科技专项、前沿科学重点研究项目、国家自然科学基金面上项目和中科院微生物组项目的支持。

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