植物叶际微生物群稳态维持研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/9099.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！

4月8日，《自然》（*Nature*）杂志在线发表了题为*A plant genetic network for preventing dysbiosis in the phyllosphere*的研究论文。这项工作由中国科学院分子植物科学卓越创新中心辛秀芳研究组与美国密歇根州立大学何胜洋研究组合作完成，该研究对认识植物叶际微生物群的稳态维持机制以及植物微生物群领域向功能性研究转变实现了重要推动。

植物的地上部分可统称为phyllosphere，而这其中的叶片组织是植物进行光合作用和能量代谢的中心部位。与植物根部类似，植物叶片的表面和内部存在细菌、真菌等微生物群；但是相比对植物根际微生物群的许多研究，目前对植物如何控制叶际微生物群的稳态以及叶际微生物群的平衡如何影响植物健康生长还知之甚少。

该工作前期的一项研究发现一个拟南芥的基础免疫和叶片水分平衡缺陷的四突变体（fls2/efr/cerk1/min7）植物在高湿度环境下会出现叶片内部细菌菌群过度繁殖和叶片黄化/坏死的表型（Xin et al., *Nature* 2016）。这表明叶际微生物群失衡会破坏植物健康。该工作在此基础上构建了“人工合成微生物群”（synthetic community），并通过细菌16S rRNA基因和基因组测序、“无菌植物培养系统”（Gnotobiotic system）等实验明确了突变体植物的叶际微生群由“正常”变为“失衡且对植物有害”（dysbiotic）的状态并导致叶片发生类似病害的表型。进一步的研究发现突变体中重要免疫和水分平衡通路的缺失以及不同菌种之间的互作（抑制作用）导致了细菌群落结构的改变。此外，该工作还发现拟南芥另一个基因CAD1突变也会导致类似的细菌群落结构失衡及叶片坏死表型，并进一步发现CAD1功能与FLS2/EFR/CERK1/MIN7等相关，因此这几个基因存在于一个网络来共同维持叶际微生物群平衡。对植物微生物群稳态机制的研究可以帮助人们将来设计和改变植物微生物群落结构，从而改善植物生长和抗逆等性状，为人类生产和生活服务。

该工作由美国密歇根州立大学何胜洋研究组、华中农业大学植物科学技术学院副教授陈桃（密歇根州立大学访问学者）、中科院分子植物卓越中心辛秀芳研究组与王二涛研究组等合作完成。华中农业大学植物科学技术学院陈桃、密歇根州立大学Kinya Nomura、分子植物卓越中心王孝林、姚玲娅等共同参与完成课题。辛秀芳和何胜洋是该论文的共同通讯作者。该项工作得到分子植物卓越中心、美国National Institutes of Health和Department of Energy的经费支持。

论文链接

植物叶片结构及叶际微生物群示意图

该项工作的模型图，显示突变体植物的叶际微生物群落结构发生改变并导致叶片发生类似病害的表型

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所

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