



生态中心在丛枝菌根提高植物抗旱性分子机制方面取得进展

文章来源: 生态环境研究中心

发布时间: 2012-12-26

【字号: 小 中 大】

最近,中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室陈保冬研究组在丛枝菌根提高宿主植物抗旱性分子机制研究方面取得重要进展,相关研究结果在国际著名植物学期刊《新植物学家》上发表(*New Phytologist* 197: 617-630; 2013)。

丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)真菌在自然界中广泛存在,能与绝大多数的陆地高等植物形成共生体系,是迄今发现的与植物关系最为密切的土壤微生物之一。很多研究表明,菌根共生体系对于植物适应各种逆境胁迫具有重要意义。有关丛枝菌根在植物抵御干旱胁迫中的积极作用已有较多文献报道,但多数研究集中在AM真菌的间接作用,及菌根影响植物自身抗旱生理方面,而对于AM真菌增强植物抗旱性的直接作用,尤其是干旱胁迫下AM真菌帮助宿主植物吸收水分的分子证据,还是一项研究空白。

陈保冬研究组采用5'-和3'-RACE技术,从AM真菌*Glomus intraradices*中克隆了两个水孔蛋白基因*GintaQPF1*和*GintaQPF2*。通过毕赤酵母异源过表达证明*GintaQPF1*和*GintaQPF2*都有明显的输水功能。用聚乙二醇(polyethylene glycol)模拟干旱胁迫发现,*GintaQPF1*和*GintaQPF2*在胁迫条件下蛋白活性增加,显著促进酵母生长。正常水分条件下,玉米菌根中*GintaQPF1*和*GintaQPF2*在含丛枝的根细胞表达量最高,其次是根外菌丝,最后是萌发孢子;干旱胁迫明显促进了在含丛枝的根细胞和根外菌丝中*GintaQPF1*和*GintaQPF2*的表达,同时根外菌丝的生长也受到干旱的明显诱导。干旱胁迫条件下,两个水孔蛋白的高表达和菌丝生长的促进导致了宿主植物根系相对含水量的显著增加。

该研究为丛枝菌根真菌吸收水分提供了直接的分子证据,有助于人们更全面地认识逆境胁迫下菌根真菌和宿主植物之间的互动机制,同时也揭示了AM真菌在维系干旱半干旱地区脆弱生态系统结构和功能稳定中的潜在重要作用。

该项工作得到中科院知识创新工程重要方向项目和城市与区域生态国家重点实验室自主方向项目的支持。

打印本页

关闭本页