

遗传发育所揭示水稻组蛋白甲基化调控根系核心菌群

2021-07-12 来源：遗传与发育生物学研究所

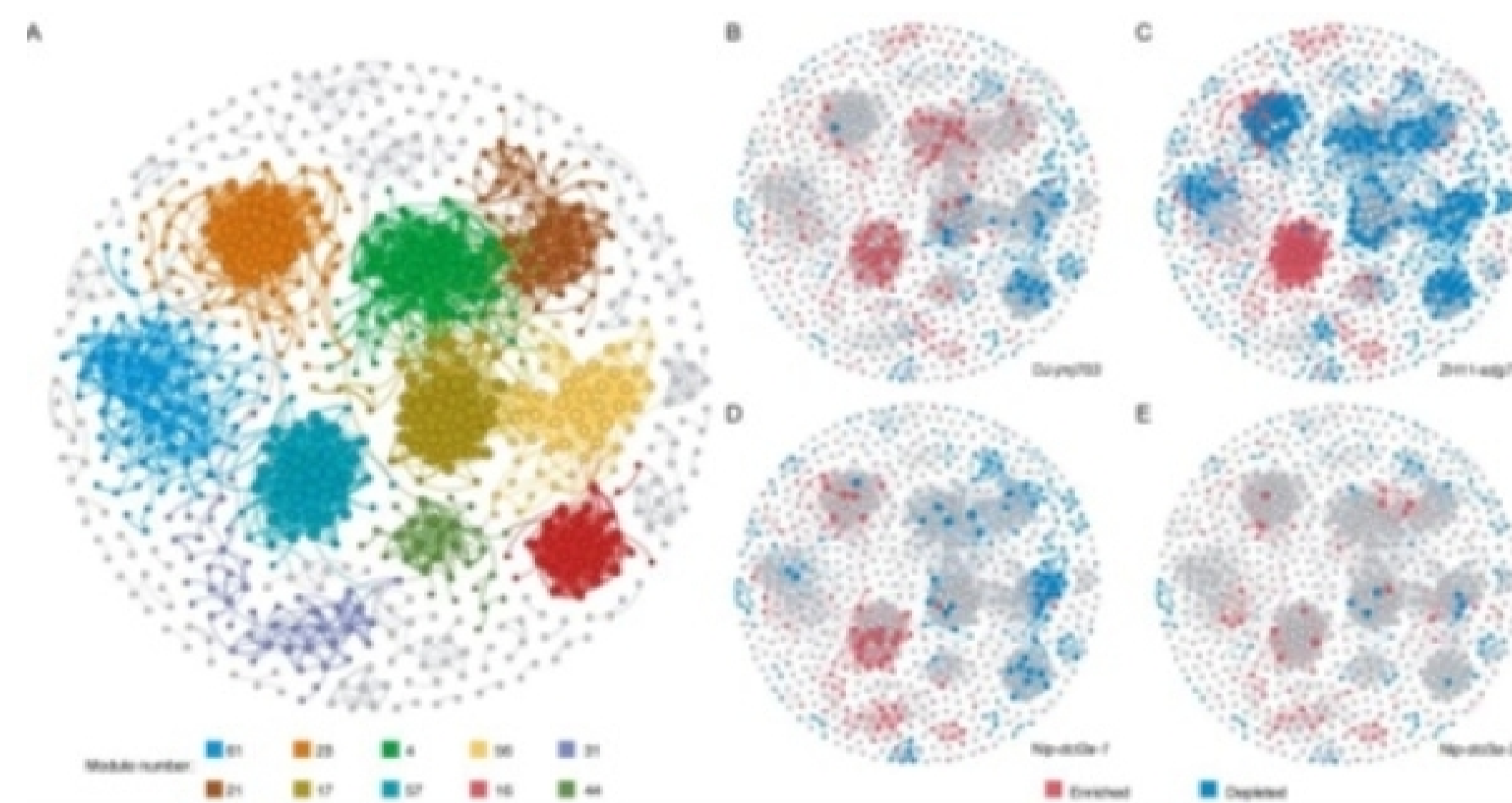
【字体：大 中 小】



根系微生物组与植物的养分吸收、抗病抗逆等生长发育过程密切相关，其在植物根系的定殖和组装受环境和植物遗传途径等因素的影响。表观遗传调控是调节染色体行为和基因表达的重要机制，探究表观遗传途径与植物根系微生物的关系能够更系统地揭示植物生长发育过程。表观遗传调控与宿主微生物组的关系已在动物模型中得到研究，但在植物中相关研究较少。

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员白洋研究组、曹晓风研究组合作，比较水稻三种组蛋白甲基化相关突变体DJ-jmj703、ZH11-sdg714和Nip-dcl3a及其对应野生型的根系微生物组的结构和物种组成，发现水稻的根系微生物结构受组蛋白甲基化修饰影响，其中，响应组蛋白甲基化调控的相关细菌主要属于厚壁菌门以及β-变形菌纲。研究人员进一步构建水稻根系微生物共发生网络，发现微生物网络的44个核心物种中，35个细菌受到至少一种组蛋白甲基化相关基因调控（如图）。结果表明，水稻组蛋白甲基化在调控根系微生物群落的组装过程中具有关键作用，为植物表观遗传调控与根系微生物组之间的联系提供新思路。

7月2日，相关研究成果在线发表在*Journal of Genetics and Genomics* (DOI:10.1016/j.jgg.2021.06.005) 上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、中科院青年创新促进会等的支持。



水稻根系微生物组共现网络揭示核心菌群受组蛋白甲基化调控。水稻根系微生物共存网络（左）及受组蛋白甲基化影响的细菌在网络中的分布情况（右）

责任编辑：侯茜

 打印 


 更多分享

>> 上一篇：研究揭示α微管蛋白三甲化修饰在神经系统发育过程中的作用及机制

>> 下一篇：遗传发育所利用非编码RNA揭示小麦多倍体形成与进化机制



扫一扫在手机打开当前页