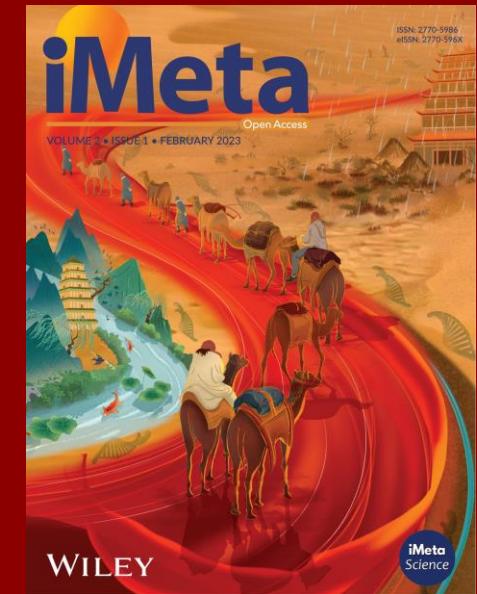


细菌群落的品种偏好性与宿主免疫受体激酶 共同调控水稻-微生物群的互作结果

徐记伟^{1, 2}, 胡佩瑶^{1, 2}, 刘孟^{1, 2}, 张万源^{1, 2}, 谢卡斌^{1, 2}

¹作物遗传改良全国重点实验室, 湖北洪山实验室, 华中农业大学,
武汉 430070, 中国

²作物病害监测和安全控制湖北省重点实验室, 华中农业大学,
武汉 430070, 中国

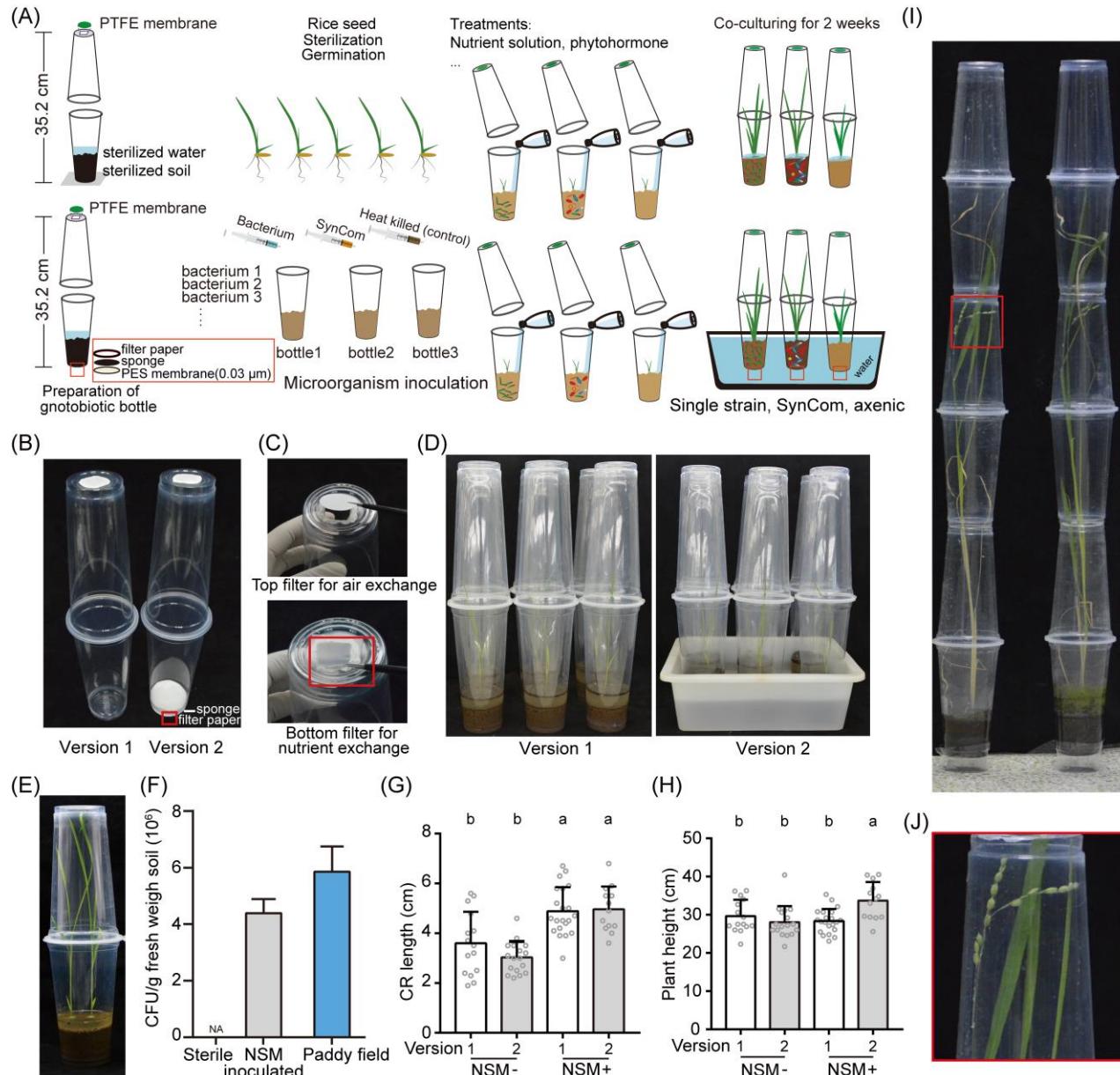


Jiwei Xu, Peiyao Hu, Meng Liu, Wanyuan Zhang, Kabin Xie. 2025. Cultivar-specific preference of bacterial communities and host immune receptor kinase modulate the outcomes of rice–microbiota interactions. *iMeta* 4: e70098.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70098>

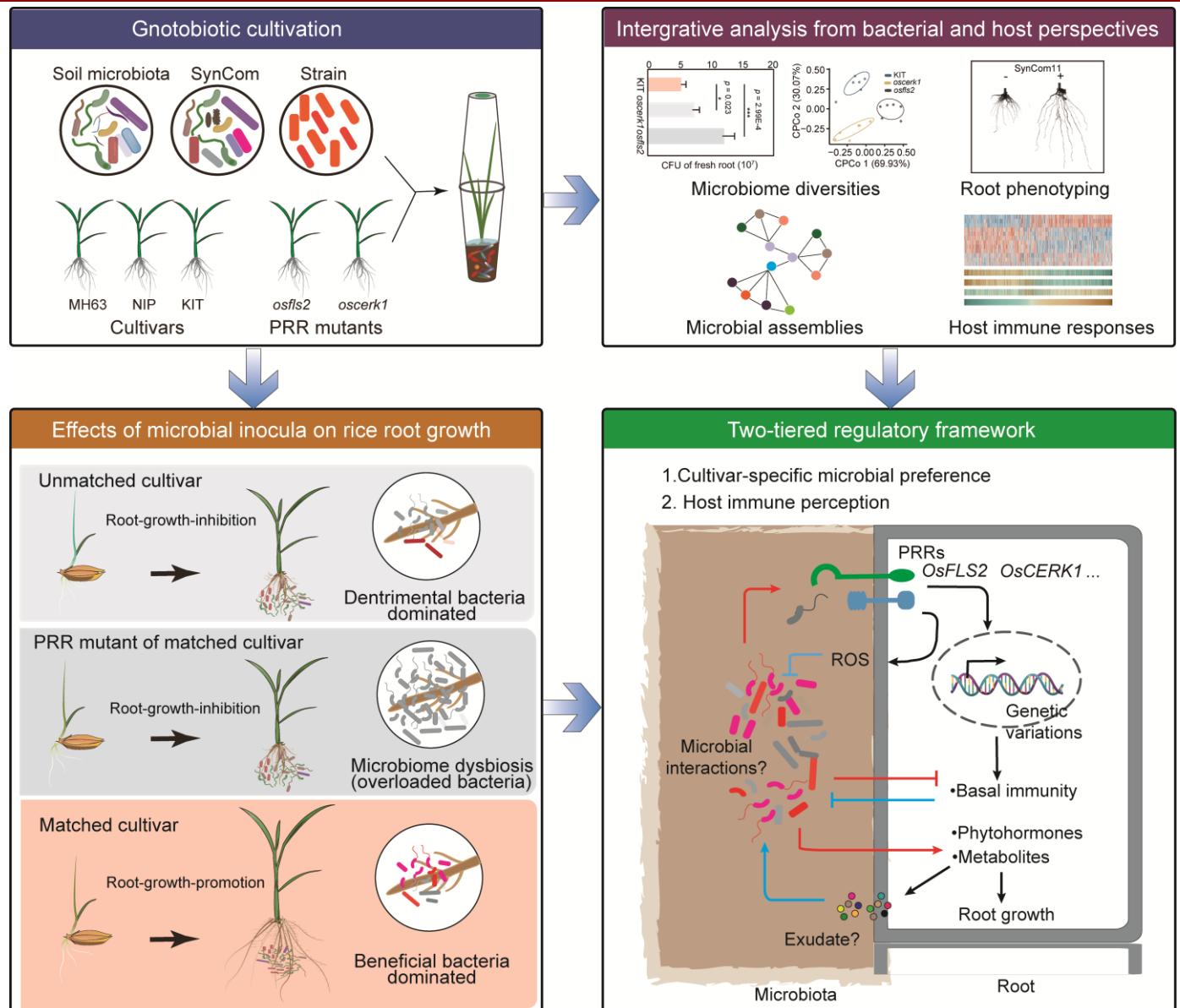


简介



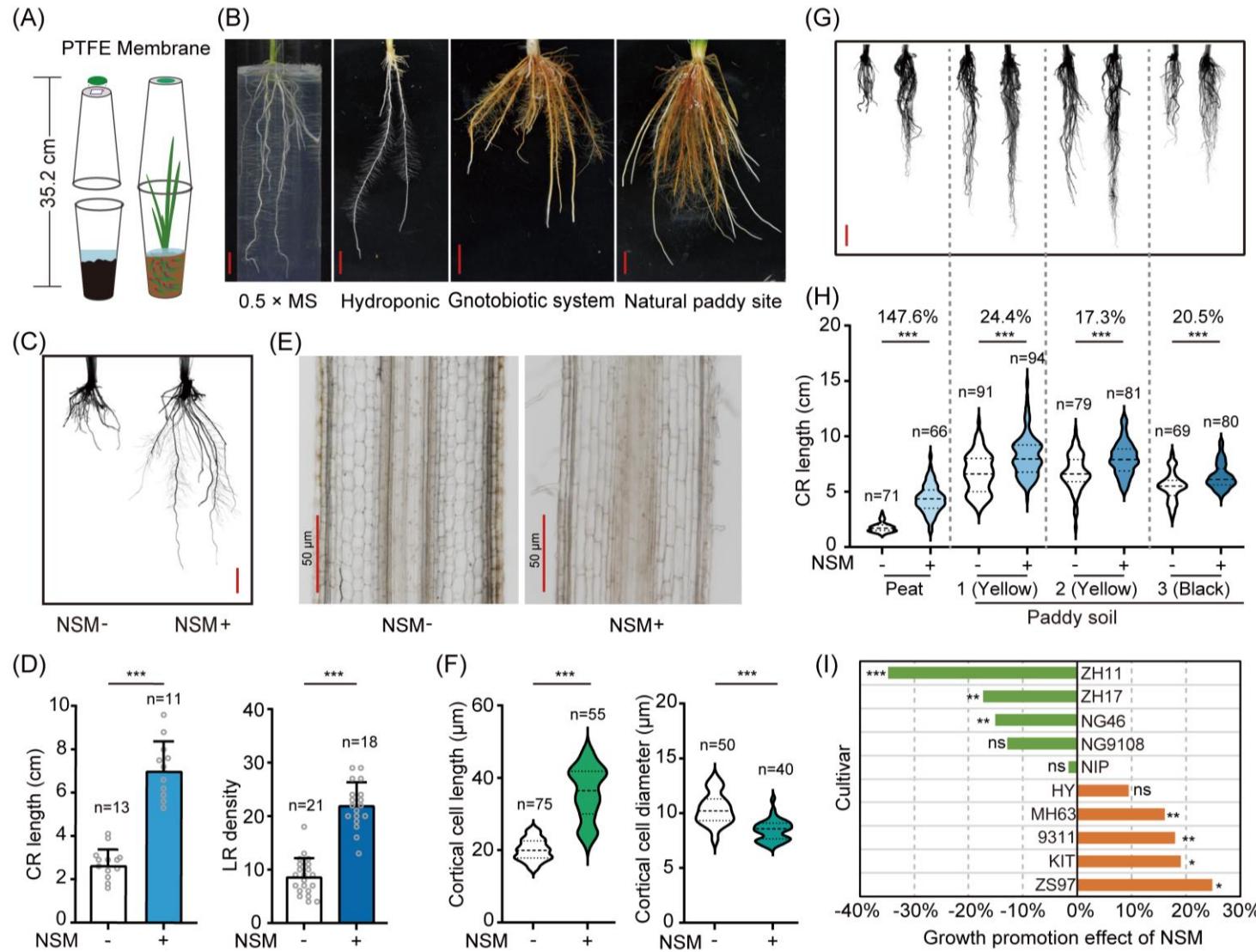
- 设计适合水稻形态和生长环境条件的定菌培养装置，用于水稻与微生物互作研究
- 开发2种版本定菌培养装置，检测、比较不同培养装置的使用效果
- 培养装置能够支撑短生育期的水稻生长8-10周，直到灌浆结实，可以用于水稻与根系微生物互作的研究

亮点



- 相同的细菌接种物对不同水稻品种的根系生长表现出有益、中性或有害影响
- 同一菌群对水稻品种的根系生长的促进或抑制效应与根系有害与有益细菌载量失衡相关
- 保守的类受体激酶 (RLK) 受体 **OsFLS2** 是防止微生物组失调的关键基因

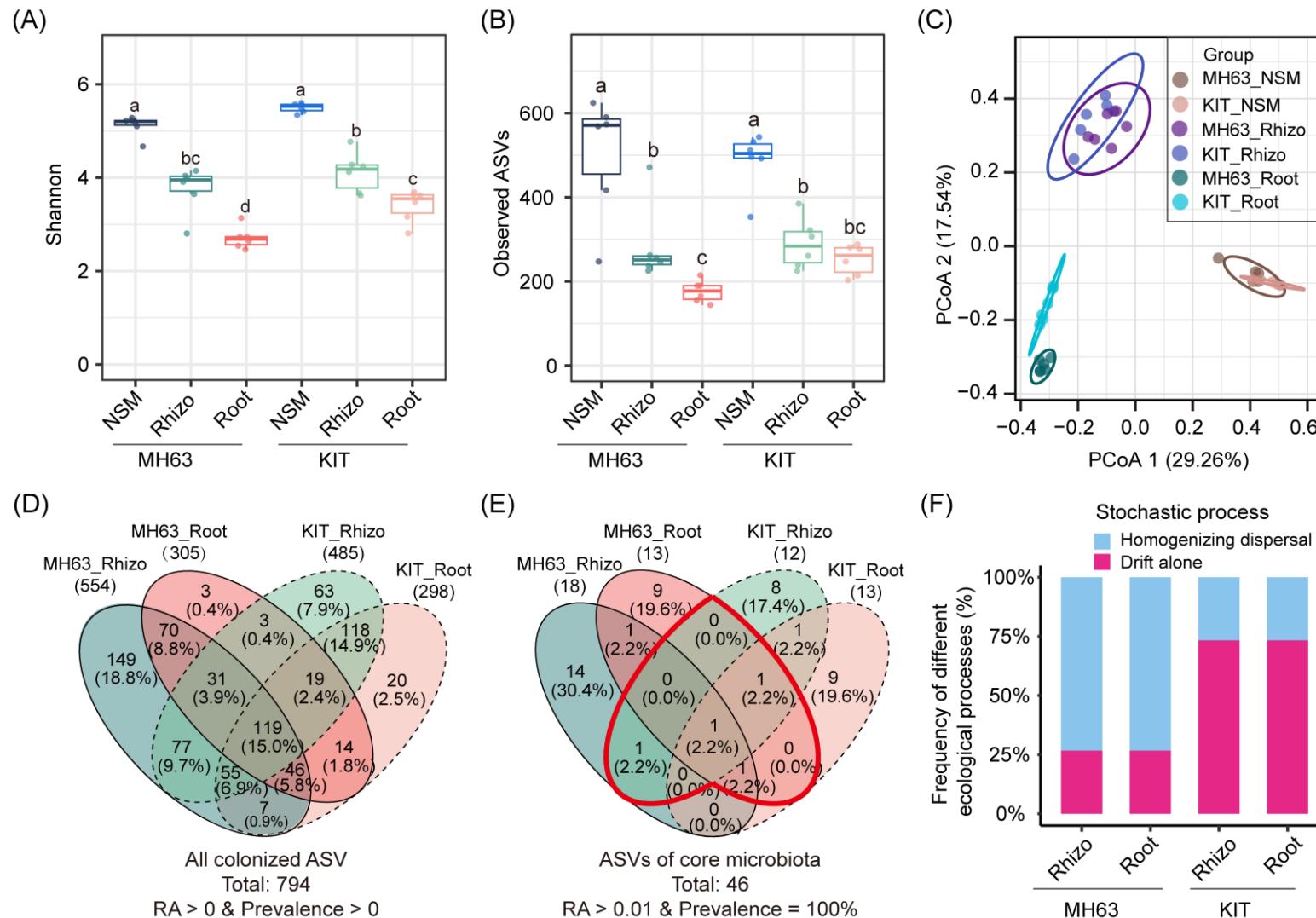
结果1：自然土壤微生物群落促进MH63根系生长，促生效应受土壤类型与水稻品种的影响



- 定菌培养系统能够模拟水稻自然条件根系生长环境
 - 对MH63品种水稻根系生长的促进作用表现在冠根伸长和侧根密度增加
 - 同一微生物群落对不同品种的水稻根系生长作用存在显著的差异

图1. 定菌培养系统中自然土壤微生物群对水稻根系生长的影响

结果2：水稻MH63与KIT分别组装了不同的有益微生物群落



- 细菌群落组装符合自然条件下的组装规律，少数核心细菌占据根系与根际生态位
- 定殖存活的核心细菌在不同水稻品种之间重叠种类较少，从生态学的角度看随机过程主导了微生物群的组装

图2. 定菌培养装置中根系与根际微生物组装过程

结果3：有益细菌和有害细菌根系绝对定殖量（载量）调控菌群对不同品种根系生长的作用

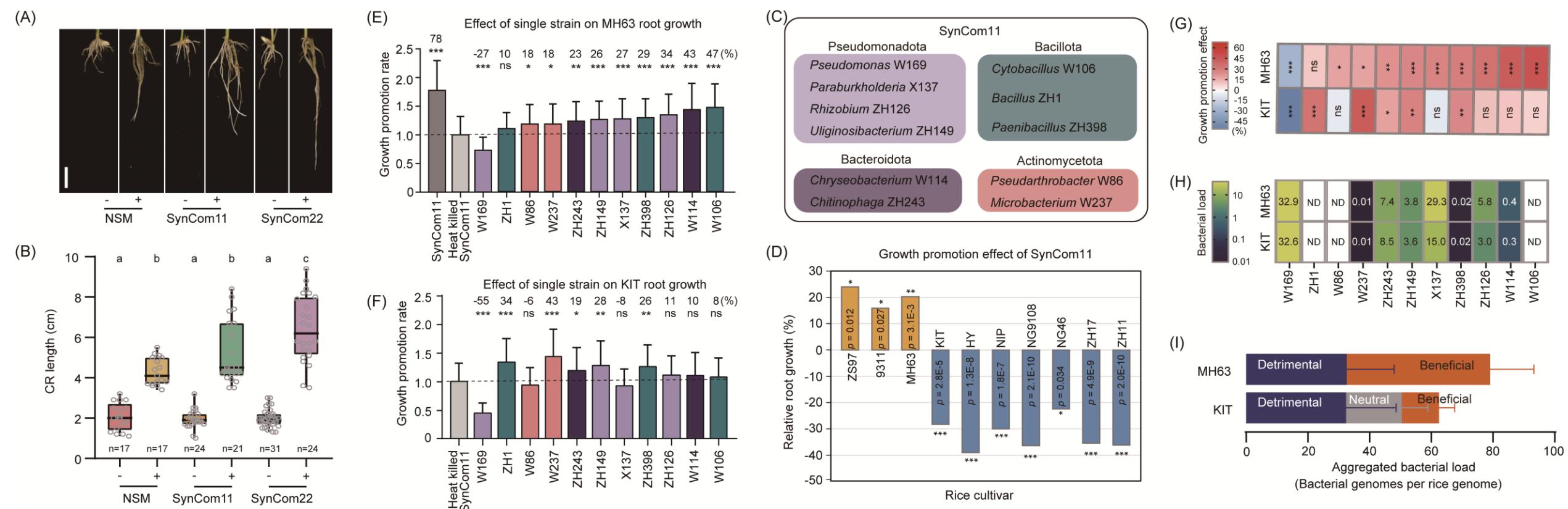


图3. 11个细菌的合成群落 (SynCom11) 可重现品种偏好性根系生长促进效应

结果4：模式识别受体的缺失反转土壤微生物群对水稻根系生长的有益作用效果

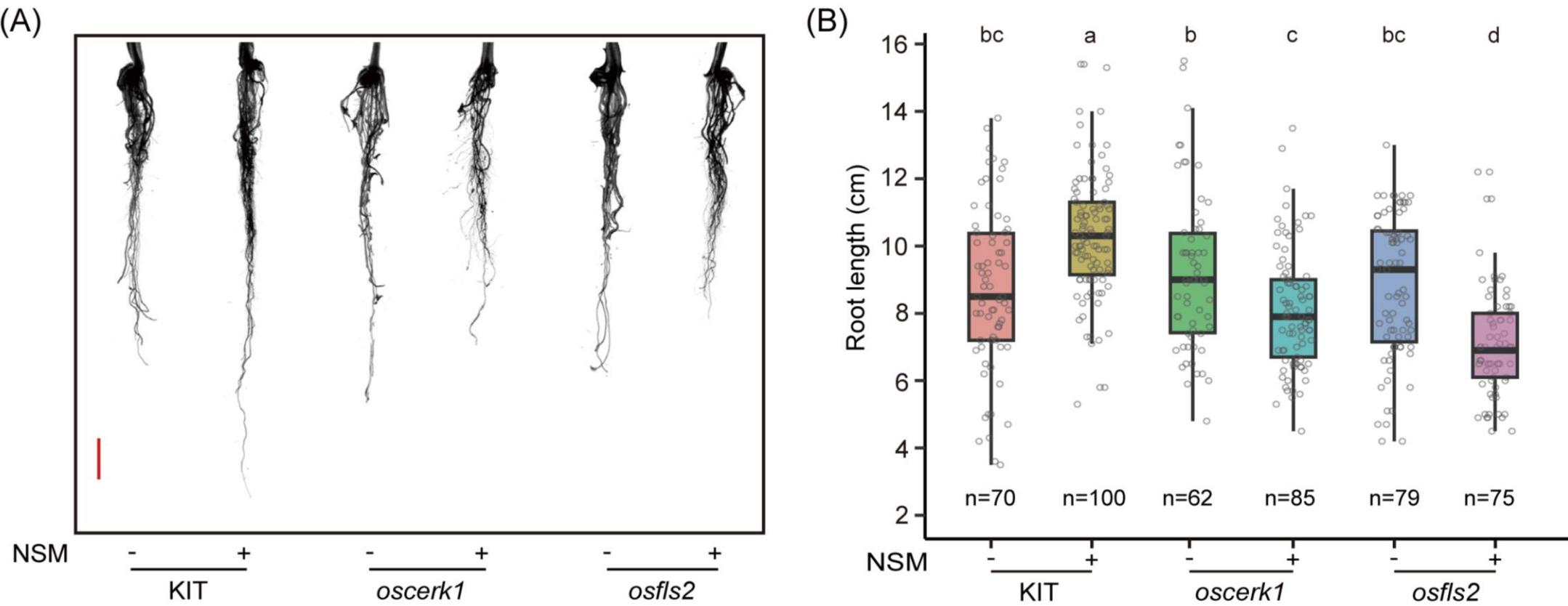
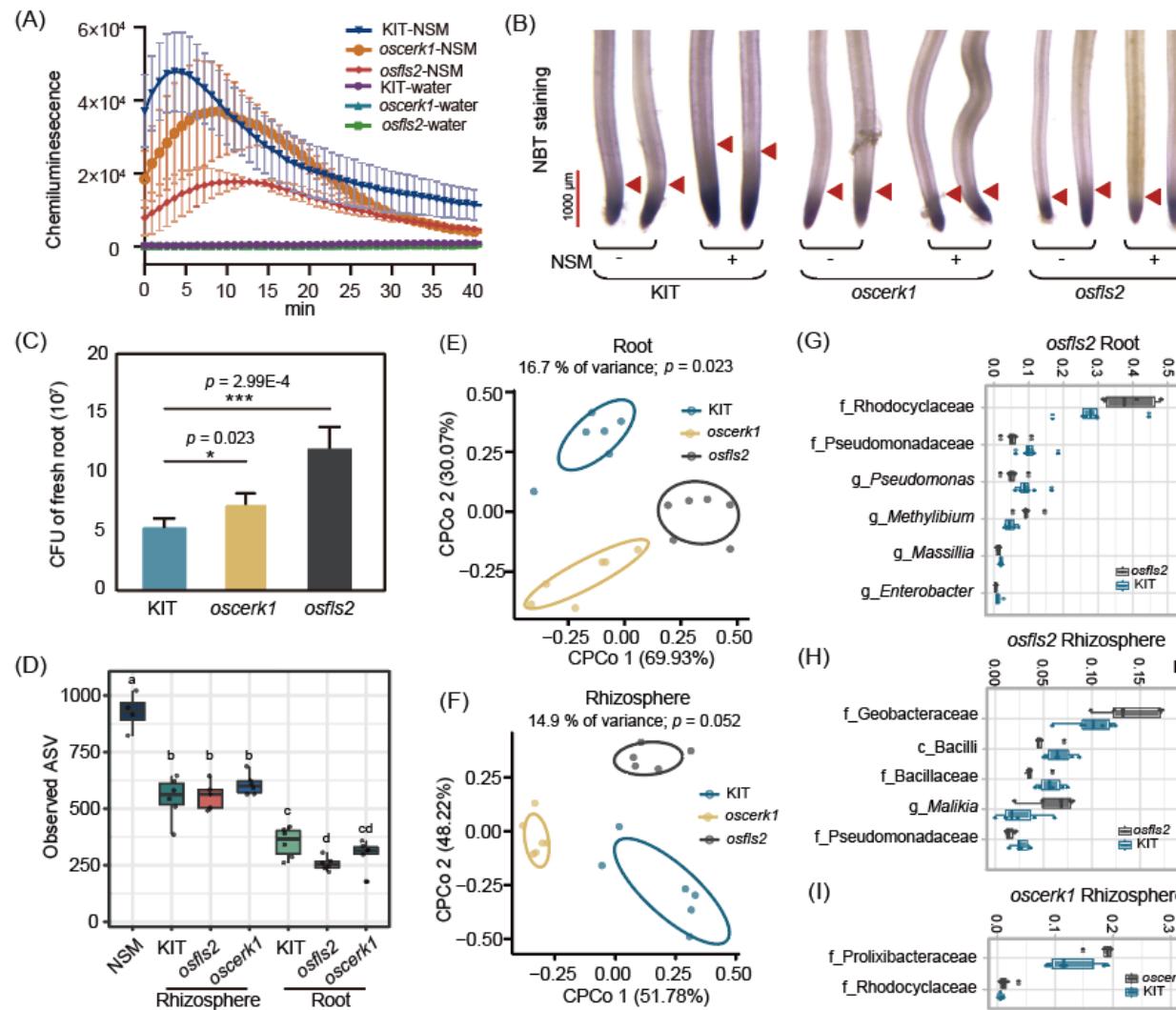


图4. *OsFLS2*与*OsCERK1*是调控土壤微生物群介导的根系生长促进效应的重要免疫受体

结果5：保守免疫受体突变体根系细菌群落多样性和绝对量均出现显著变化



微生物组紊乱的具体表现：

- 1.植物生长受阻
- 2.微生物群落结构发生改变
- 3.根内细菌载量显著变化

图5. *OsFLS2*与*OsCERK1*突变体的根系微生物组稳态发生失衡

结果6: *OsFLS2*在微生物介导的宿主基因表达调控中发挥关键作用

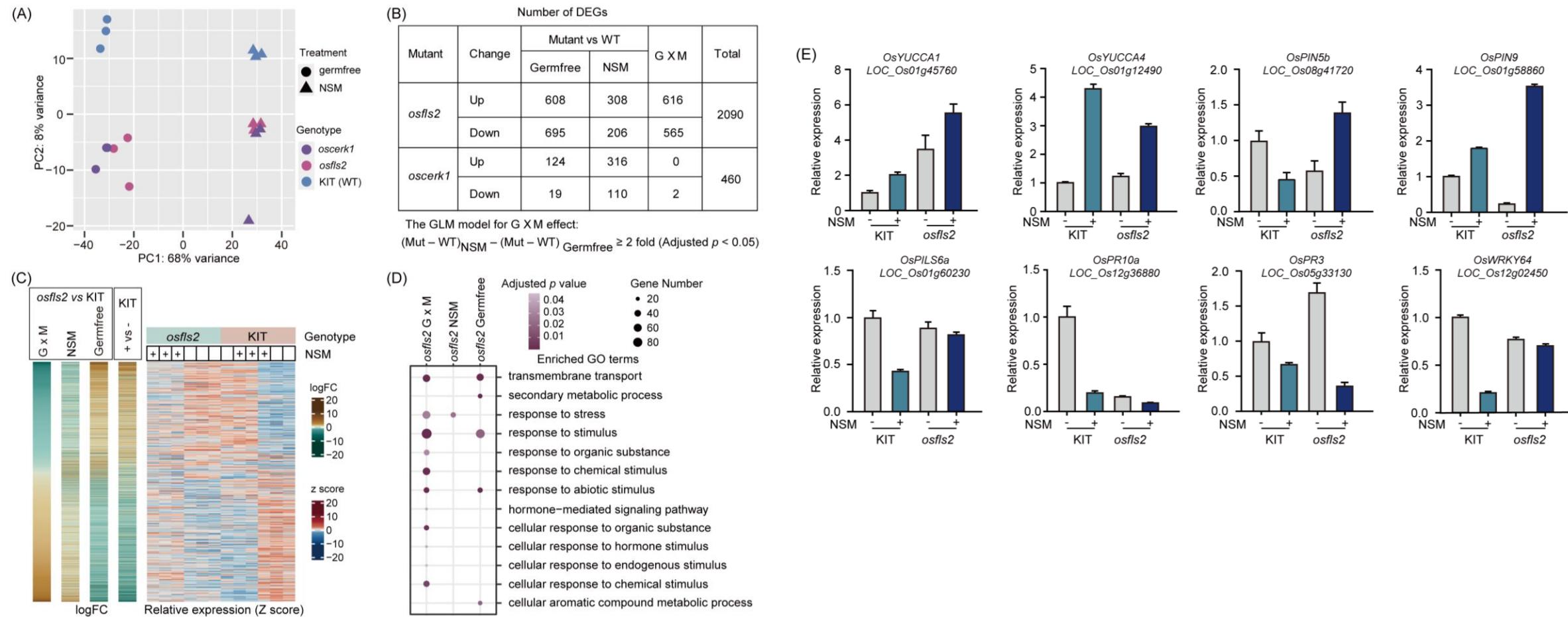


图6. 微生物响应的植物基因受到*OsFLS2*与*OsCERK1*免疫受体的调控

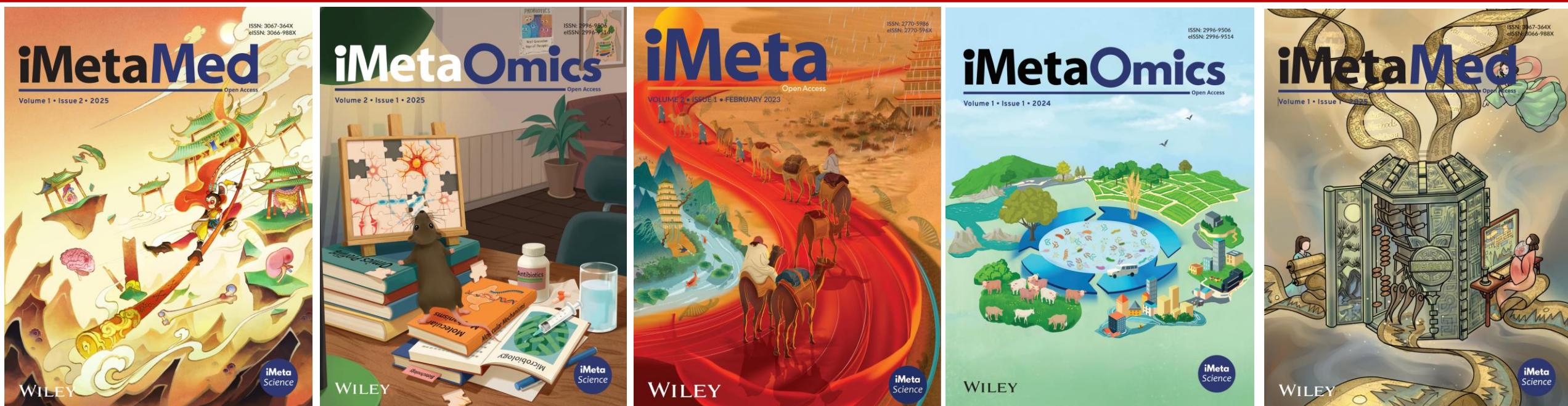


总结

- 在这项研究中，我们发现相同的细菌接种物、土壤微生物群、合成群落（SynCom），在不同水稻品种中表现出有益（根系生长促进）、中性或有害（根系生长抑制）的效应；
- 微生物对根系不同的作用效果依赖于一套双层调控系统：一是微生物的品种偏好，与宿主遗传背景有关，二是水稻中OsFLS2等保守模式识别受体对微生物的免疫识别；
- 细菌来源的配体激活模式识别受体后会精细调控植物激素信号传导、代谢过程及免疫反应；而模式识别受体功能的缺失会导致根系微生物组稳态失衡，导致原先微生物对根系生长有益的作用效果转变为对根系生长有害的作用效果。

Jiwei Xu, Peiyao Hu, Meng Liu, Wanyuan Zhang, Kabin Xie. 2025. Cultivar-specific preference of bacterial communities and host immune receptor kinase modulate the outcomes of rice–microbiota interactions. *iMeta* 4: e70098.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70098>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新**IF** 33.2，位列全球**SCI**期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊***iMetaOmics*** (宏组学)、***iMetaMed*** (宏医学)定位**IF>10**和**15**的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science
imetaomics@imeta.science



[宣传片](#)



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6