



土壤植物互作团队揭示根际微生物通过非经典生长素途径促进植物侧根发育机制

发布者: 管理员 发布时间: 2025-03-20 作者: 刘云鹏 来源: 土壤植物互作团队 点击量: 239

近日, 中国农业科学院农业资源与农业区划研究所土壤植物互作团队最新研究成果“A rhizobacterium-secreted protein induces lateral root development through the IAA34-PUCHI pathway”, 发表在Cell旗下子刊《Cell Reports》上。

植物通过侧根从周围的环境中更高效地获取养分和水分来供给自身的生长和发育。根际微生物生活在植物的根系周围, 对宿主植物的根系发育具有积极的影响, 但其调控机制仍不清楚。

该研究发现典型根际益生菌 *Bacillus velezensis* SQR9能不依赖于经典生长素信号通路中ARF7和ARF19转录因子促进植物侧根发育。研究人员利用生物活性追踪法对菌株SQR9发酵液上清进行分离, 并纯化得到发挥促侧根作用的活性蛋白bacillolysin, 该蛋白通过识别宿主根尖处的受体CEPR2, 以介导下游非经典生长素信号模块“IAA34-PUCHI”促进植物侧根发育。该研究表明根际微生物活性物质可以通过植物特异性响应途径来诱导侧根的生成, 为开发基于微生物活性物质的新型微生物肥料提供了重要理论支撑。

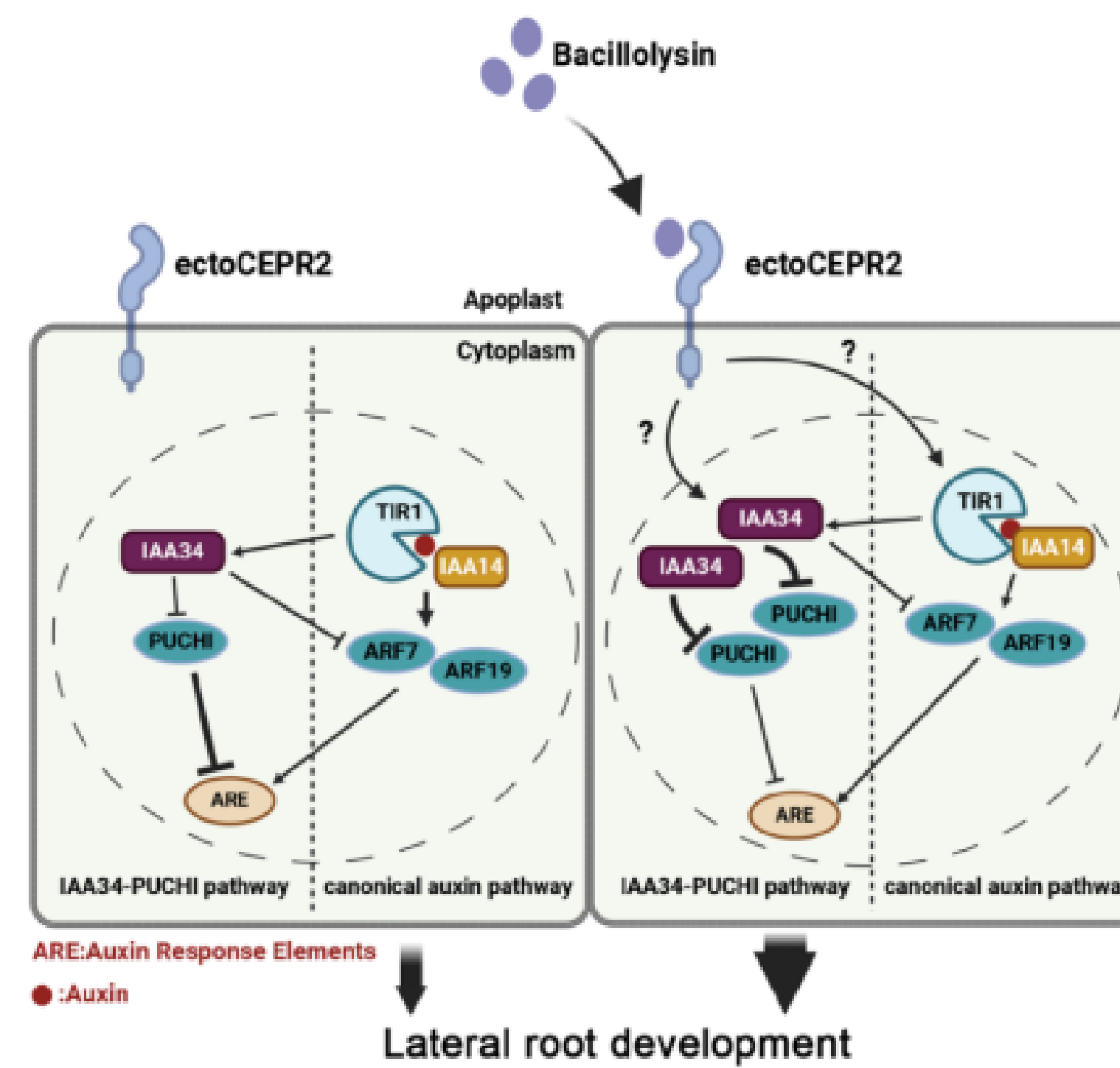


图1.芽孢杆菌活性物质促进侧根发育的机制模型

南京农业大学博士研究生付严松和中国农业科学院农业资源与农业区划研究所刘云鹏研究员为论文共同第一作者, 张瑞福研究员为论文通讯作者, 该研究得到北方干旱半干旱耕地高效利用全国重点实验室、国家重点研发计划、中国农业科学院科技创新工程、中国农业科学院青年创新专项资助。

文章链接: <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2025.115414>

【打印】 【关闭】

