### 三萜代谢网络调控拟南芥根际微生物组

种类繁多的植物次生代谢物广泛参与植物之间及植物与环境之间的相互作用，在植物演化及其环境适应过程中发挥重要作用。根际微生物对于植物的生长及其适应性的作用已经广为人知，但是对于植物如何调控根际微生物却知之甚少。

三萜类化合物是植物中种类最多，结构最为多样的一类次生代谢物，在植物防御、信号转导等方面发挥重要功能，同时具有抗菌活力。近年来的研究表明催化形成三萜化合物不同步骤的合成基因在基因组中形成基因簇，并可能参与植物对于根际病原微生物的抗性，提示由这些基因簇催化形成的三萜化合物可能参与拟南芥根际微生物组的调控。拟南芥基因组中有4个在根中特异表达的合成三萜类化合物的基因簇，但是其生化及生理功能尚不知晓。

来自中国科学院遗传与发育生物学研究，中国科学院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心(CEPAMS)白洋课题组与John Innes Centre Anne Osbourn课题组合作解析并重构了拟南芥根特异表达的三类不同三萜化合物的基因网络。进一步的研究表明，上述基因簇功能缺失突变体与野生型植物相比根际微生物组的种类和多样性都发生了明显的变化。通过与不能合成这些三萜的水稻和小麦的比较研究，揭示了拟南芥三萜合成的基因网络能够富集拟南芥特异性的根际微生物组。为了进一步研究这些三萜化合物是否直接调控根际微生物组，通过分离培养的根际微生物资源库与纯化或合成的单种或多种混合化合物进行共培养，结果发现这些三萜化合物直接调控特异的根系细菌种类。

该研究为研究根际微生物对植物生长和健康的影响、植物根际微生物组的调控及其在绿色农业发展中的应用提供了理论依据。