



植生生态所揭示禾谷镰孢侵染植物的分子策略

文章来源: 上海生命科学研究院

发布时间: 2012-12-26

【字号: 小 中 大】

12月,中科院上海生命科学研究院植生生态所唐威华研究组在*The Plant Cell*杂志在线发表题为*In planta stage-specific fungal gene profiling elucidates the molecular strategies of Fusarium graminearum growing inside wheat coleoptiles*的研究论文,揭示了禾谷镰孢侵染植物的分子策略。

禾谷镰孢(*Fusarium graminearum*, 有性态又称玉蜀黍赤霉*Gibberella zeae*)是一种丝状真菌,能引起小麦赤霉病、玉米赤霉茎腐病等多种农作物病害,还能产生脱氧雪腐镰刀菌烯醇(deoxynivalenol, DON)等真菌毒素。禾谷镰孢的基因组编码约14000个基因,已有上百个基因被证明与其致病性相关,但禾谷镰孢致病机制的全貌仍不清楚。

禾谷镰孢既能在宿主植物体内生长导致植物发病,也可以在体外培养基上生长。全面比较在宿主体内和体外培养基上的禾谷镰孢转录组动态,有可能增进对禾谷镰孢致病分子机制的理解。但以往的方法难以获得病原菌在宿主体内的高清表达谱图。唐威华带领的研究小组运用激光显微切割技术和芯片杂交,获得了禾谷镰孢侵染小麦幼苗胚芽鞘的过程中16小时、40小时及64小时三个时期的全基因组表达谱,并且与体外培养的孢子和菌丝的表达谱进行比较,揭示了禾谷镰孢侵染植物的分子策略随侵染进程而改变,包括分阶段提高植物细胞壁降解酶类的分泌,先清除后释放活性氧,以及在后期产生更多毒素类次生代谢产物等。此外,研究人员还应用基因敲除和致病力快速检测方法,对提出的侵染策略相关的多个禾谷镰孢基因的功能进行了验证。

对于禾谷镰孢致病机制的进一步理解将有助于小麦赤霉病等的抗病设计。

此研究得到了国家973计划、中国科学院“创新2020”、转基因重大专项等的支持。

打印本页

关闭本页