

我科学家提出稻曲病菌侵染机制新见解

日期 2014-05-23 来源：新华网 来源：光明日报 作者：张蕾 【大 中 小】 【打印】 【关闭】

由子囊真菌侵染引起的稻曲病是一种新兴的水稻穗部病害。该病害威胁到世界主要水稻栽培区的生产，在中国严重年份的发病面积达到水稻栽培面积的1/3。在农业部公益性行业专项的资助下，中国农业大学的孙文献教授与彭友良教授通过课题组合作，联合多家国内外研究机构，找到了一些可能影响这种真菌致病力的基因，并提出了关于该真菌侵染机制的见解。相关研究成果在线发表于最近一期的《自然通讯》上。

孙文献和彭友良的研究团队对测定的稻曲病菌基因组草图进行分析，对四个稻曲病菌的菌株进行了低覆盖率测序，同时对比分析了另外11个真菌物种。据孙文献介绍，稻曲病菌基因组中减少了多糖类物质分解酶、营养吸收和次生代谢等相关的基因，尤其是缺少果胶分解酶活性。这些特征反映了该病原菌侵染寄主水稻的花丝、从中获取营养的活体侵染寄生方式。通过比较基因组学与功能分析，他们明确了编码效应蛋白基因与毒素合成基因参与稻曲病菌的致病性，并发现稻曲病菌与昆虫病原菌绿僵菌具有相近的进化关系，由此推断两个物种所分泌的效应蛋白在物种进化与寄主的适应性上起重要作用。

“这些发现给稻曲病菌以及普遍的植物病原真菌的演化和宿主适应性提供了见解，并为制定稻曲病的安全有效防控措施提供了重要信息。”孙文献表示。