

搜索...

科技动态

[本篇访问： 10451]

最近更新

田大成/杨四海团队在水稻广谱高抗稻瘟病内在机制方面取得重要进展

发布时间：[2019-08-27] 作者：[生命科学学院] 来源：[科学技术处] 字体大小：[小 中 大]

我校生命科学学院田大成/杨四海团队在水稻抗稻瘟病研究中取得重要进展，研究成果“Large-scale identification and functional analysis of NLR genes in blast resistance in the Tetep rice genome sequence”（水稻特特普基因组NLR基因群的大规模鉴定与功能分析）在国际重要综合性期刊PNAS在线发表。我校杨四海教授与芝加哥大学生态与进化学系及台湾生物多样性研究中心的李文雄院士是该论文的通讯作者，王龙副教授、博士生赵丽娜、高级工程师张小辉和江苏省农科院张启军研究员是该论文的共同第一作者。

稻瘟病是水稻主要的病害之一，对其安全生产够成重要的威胁，而防治稻瘟病最经济有效的手段是利用水稻自身的抗性基因。目前，虽然已经有不少抗稻瘟病基因被鉴定与克隆，但相比于提供抗病基因的亲本品系而言，这些基因存在抗谱窄、抗性持续时间短的缺点，很难直接应用于生产实际，究其原因在于，我们对植物自身广谱高抗的内在机制缺乏了解。

本研究以在生产上长期使用的广谱高抗水稻品系特特普为研究对象，经过对其基因组重新组装、全基因组范围的大规模克隆与功能鉴定、结合系谱分析对其已育成的抗性品系的系统分析以及多基因合作模式的探索（图1），发现：（1）抗性基因的功能冗余、多抗性基因的参与及互作是引起单一品系广谱持久抗性的主要原因；（2）根据这些基因的抗性特征与分布规律，提出了“抗病基因簇”的概念，通过一次性引入包含多个NLR基因的区段，不仅能够获得更好的抗性，而且大大提高了抗病育种效率；（3）开发了一种成对NLR基因(paired NLRs)的信息学检测方法，并通过生物学功能验证证实了方法的可靠性；（4）提供了大量的抗病基因组数据与NLR分子标记，为抗病研究与生产利用打下了基础。本研究最大的特点在于，利用田间抗性材料及其育成抗性品系为材料，从全新的角度探讨了植物持久抗性的特点与机制，并为作物精准抗性育种提供可行的范例与方向。

本研究得到转基因专项、国家自然科学基金项目以及江苏协同创新中心的支持。该研究的顺利实施，也得到南京大学仙林校区作物分子遗传实验站的支持。

- 科技浪潮推动大学前沿学科建设
- 我校举行“寻访最美选调生”颁奖典礼
- 我校举办教学学术与教育研究论文写作主题讲座
- 南京栖霞举办2019台港澳青年迎新晚会
- 我校审计委员会召开第一次会议
- 守立德树人初心，担熔炉铸魂使命——我校“熔炉”
- 2019年“瑞华博爱之夜”晚会在我校举行
- 习近平：推动形成优势互补高质量发展的区域经济...
- 我校举行“感恩与责任”2019年度奖助学金颁奖典礼...
- 南大“熔炉工程”建设推进会 | 胡金波：烧旺熔炉...

一周十大

- 教育部副部长钟登华来我校调研 [访问：2723]
- 烧旺熔炉之火，锻造时代新人——我... [访问：2607]
- 利兹大学校长率团来访 携手搭建中英... [访问：2353]
- 勿忘历史 珍爱和平 我校举行国家公... [访问：2206]
- 2019“南京大学学生年度人物”入围... [访问：2094]
- 我校召开巡察工作领导小组第四次会... [访问：2068]
- 医学院刘新峰教授团队在脑卒中临床... [访问：1928]
- 南京大学成功研制超薄栅介质层的二... [访问：1904]
- 我校举行“感恩与责任”2019年度奖... [访问：1885]
- 勿忘历史 珍爱和平 我校举行国家公... [访问：1834]

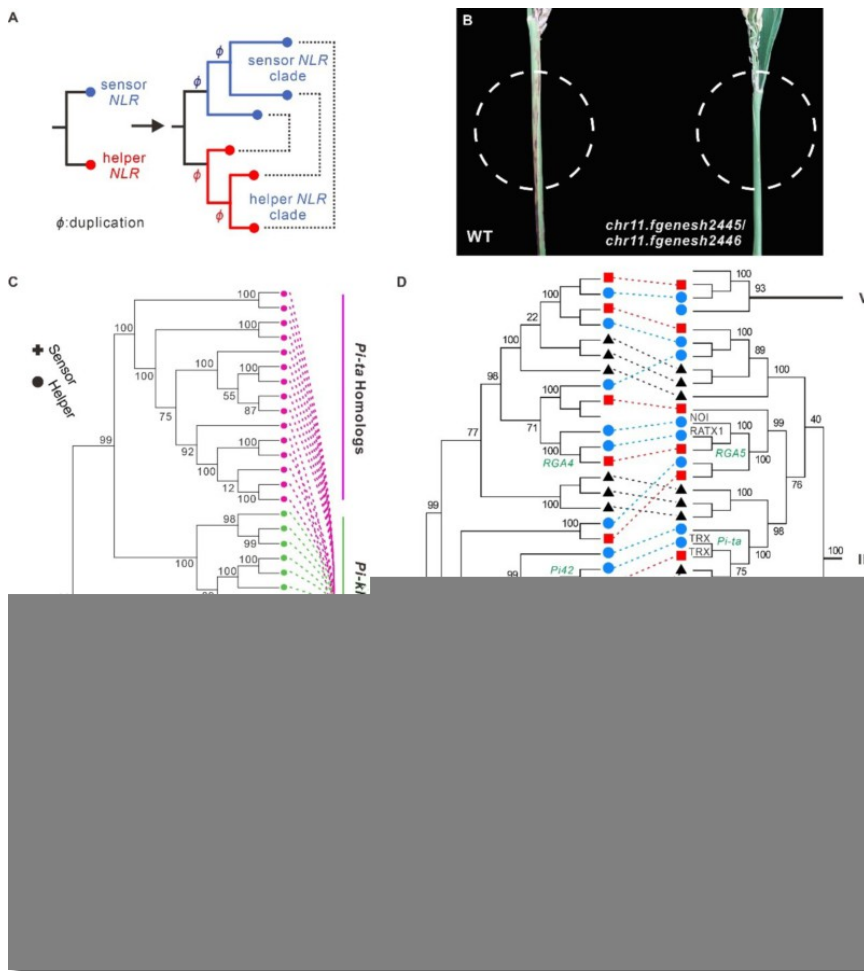


图1 成对NLR基因的特征。(A) 成对NLR基因在演化上较为保守，倾向于以成对方式复制；(B) 完整转入一对NLR基因对明显增强感性品种的穗颈瘟抗性；(C) 日本晴基因组当中成对基因表现出明显的一一对应镜像演化关系；(D) 成对NLR基因当中行使信号传导的helper保守程度较高。

(生命科学学院 科学技术处)



分享到

0