



微信扫一扫  
关注该公众号



责编 | 王一

6月4日，杂交水稻全国重点实验室吴俊团队、国际水稻研究所周波团队、法国蒙彼利埃大学Thomas Kroj团队合作在Nature Plants期刊在线发表了题为“*The unconventional resistance protein PTR recognizes the Magnaporthe oryzae effector AVR-Pita in an allele-specific manner*”研究论文，揭示了一种非传统抗性蛋白Ptr如何在等位基因特异层面上识别水稻稻瘟病菌(*Magnaporthe oryzae*)的效应子AVR-Pita。

**nature plants**

Explore content ▾ About the journal ▾ Publish with us ▾ Subscribe

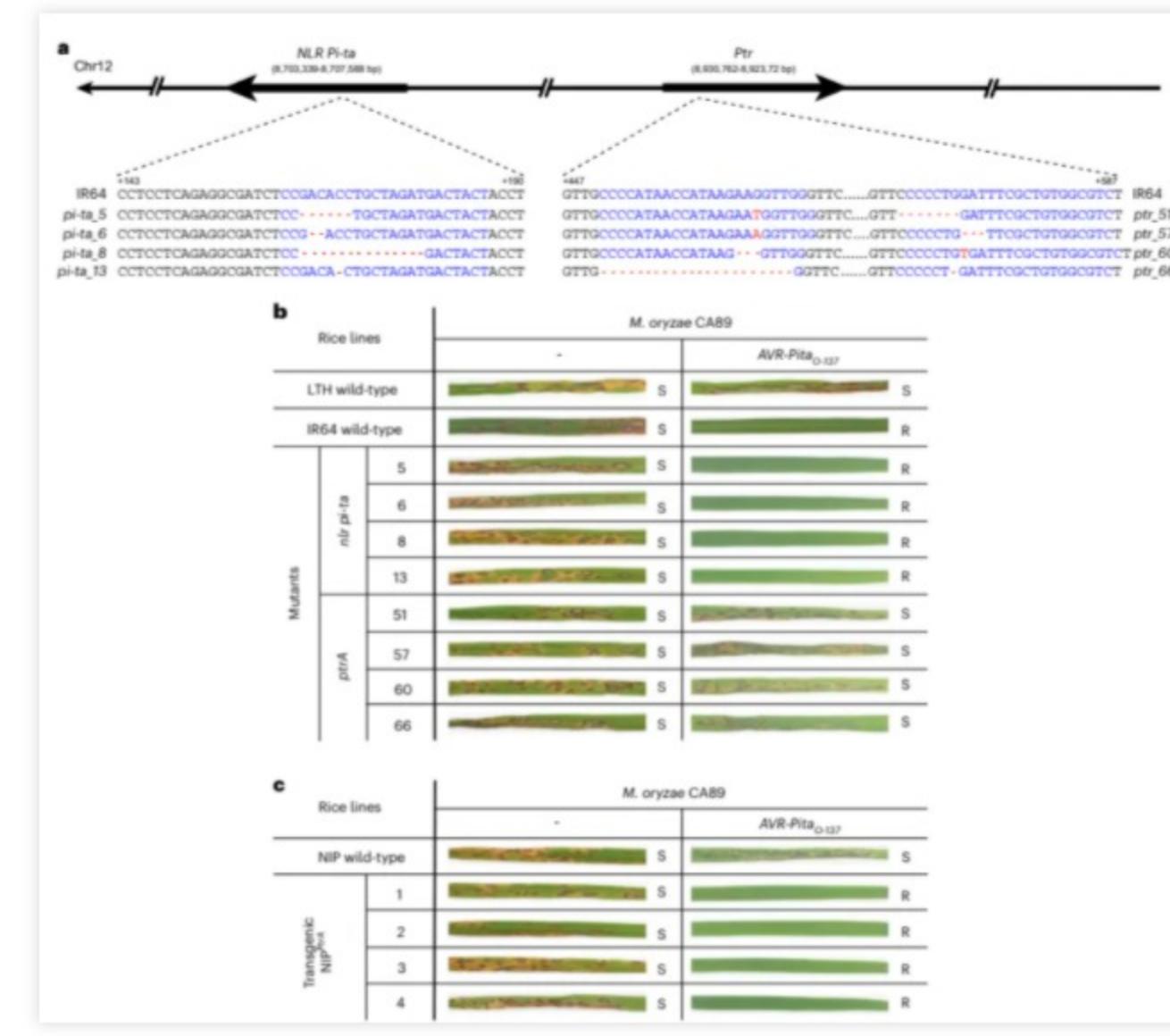
nature > nature plants > articles > article

Article | Published: 04 June 2024

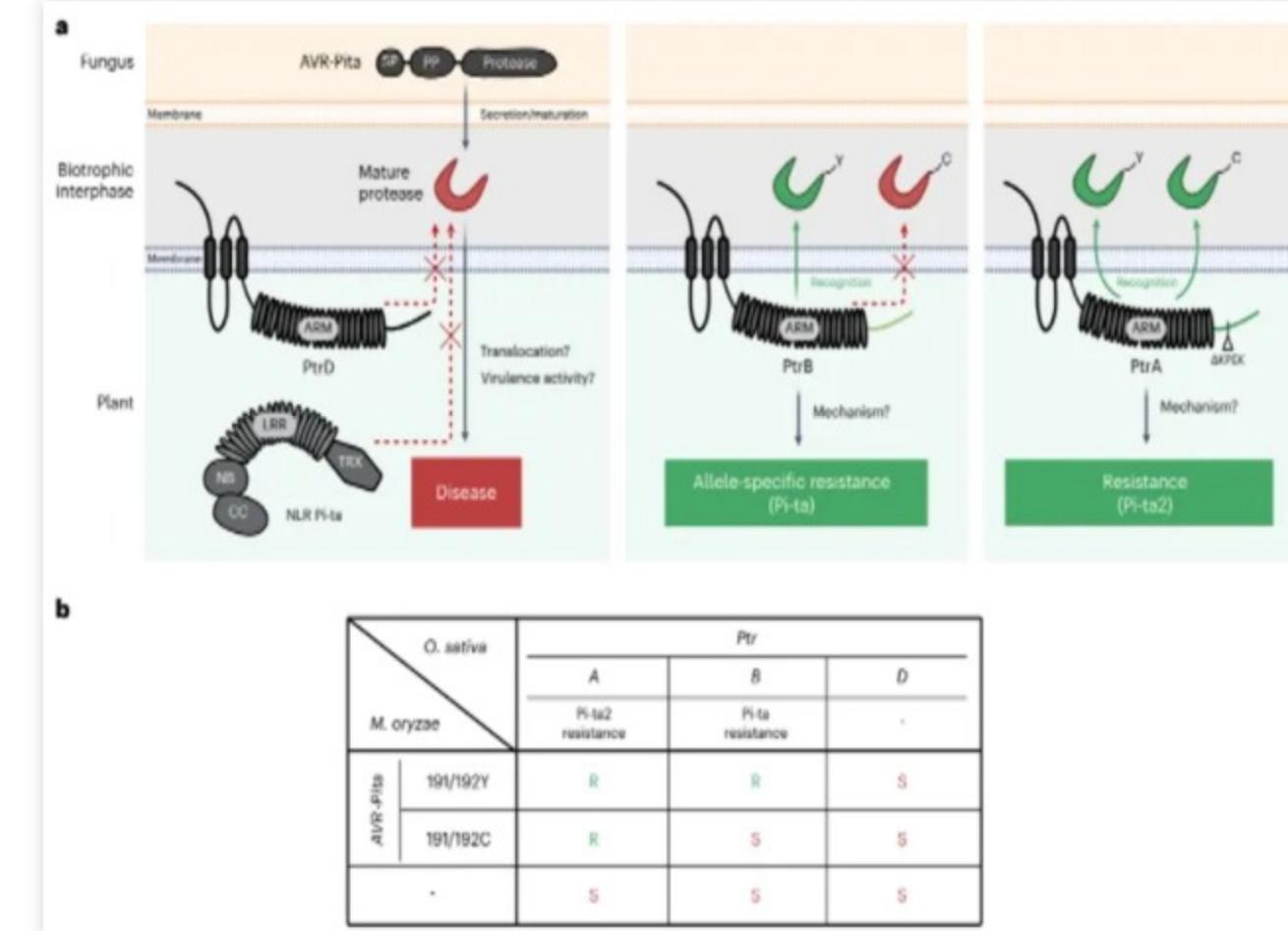
**The unconventional resistance protein PTR recognizes the *Magnaporthe oryzae* effector AVR-Pita in an allele-specific manner**

Gui Xiao, Nutthalak Laksanavilat, Stella Cesari, Karine Lambou, Maël Baudin, Ahmad Jalilian, Mary Jeanie Telebancio-Yanoria, Véronique Chalvon, Isabelle Meusnier, Elisabeth Fournier, Didier Tharreau, Bo Zhou, Jun Wu & Thomas Kroj

稻瘟病作为全球水稻生产的头号威胁，对粮食安全构成了严重挑战。传统上，抗病基因*Pi-ta*被认为通过编码一种含有核苷酸结合和亮氨酸丰富重复结构域的蛋白质(NLR)，直接识别AVR-Pita。然而，该研究颠覆了这一观念，揭示了Pi-ta抗性实际上依赖于非传统抗性基因*Ptr*。



通过对水稻中的NLR *Pi-ta*和*Ptr*进行RNA干扰和CRISPR/Cas9敲除实验，该研究发现AVR-Pita的识别完全依赖于*Ptr*，而NLR *Pi-ta*在此过程中并不起作用。这一发现表明，真正赋予Pi-ta抗性的是*Ptr*的不同等位基因。具体而言，*Ptr*的A等位基因(*PtrA*)能够识别所有自然变异的AVR-Pita，并赋予水稻Pi-ta2抗性，而*Ptr*的B等位基因(*PtrB*)仅能识别特定的AVR-Pita变异，从而提供Pi-ta抗性。此外，该研究还发现，在AVR-Pita序列中存在一个特定的多态性，它决定了病原菌是否能够逃避*PtrB*介导的抗性。这些重要发现不仅颠覆了人们对水稻抗稻瘟病机制的传统理解，还为未来通过基因工程和育种手段提升水稻抗病性指明了新方向。



湖南杂交水稻研究中心、杂交水稻全国重点实验室为该论文第一完成单位，肖贵研究员为论文的第一作者，法国蒙彼利埃大学Nutthalak Laksanavilat博士和Stella Cesari博士为论文共同一作；杂交水稻全国重点实验室吴俊研究员（现湖南农业大学）、国际水稻所周波研究员和法国蒙彼利埃大学Thomas Kroj教授为论文的共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金和湖南省科技重大专项等项目支持。

据悉，吴俊研究员团队近年来在水稻稻瘟病研究中取得了一系列成果，克隆了稻瘟病菌无毒基因*AvrP19*并解析了其与抗病基因*Pi9*之间的互作机制(Wu et al., New Phytol., 2015)；挖掘了具有广谱抗性的3个*Pi2/9*位点的等位基因，并在水稻稻瘟病抗病育种中得到应用(Xiao et al., Rice, 2017)；对我国推广面积名列前茅的水稻品种中稻瘟病抗性基因进行了详细的鉴定，发现这些品种中稻瘟病抗性基因的利用并没有我们所想象的普遍(Xiao et al., Rice, 2020)；克隆一个新的*Pik*等位基因*Piks*，并发现*Piks*打破了固有的*Pik/AvrPik*识别模型(Xiao et al., JIPB, 2023)。

论文链接：

<https://www.nature.com/articles/s41477-024-01694-z>

BioArt植物

关注植物科学领域最新研究成果，分享专业解读，提供专家点评，推广科研经验。

公众号

