

野生柑橘长线形病毒多样性远超认知

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14701.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

野生柑橘长线形病毒多样性远超认知。柑橘属植物被认为起源于喜马拉雅山脉的东南丘陵地带，包括云南西部等地区。侵染柑橘的病毒多达30多种，而柑橘病毒如何起源仍不得而知。

由柑橘衰退病毒（Citrus tristeza virus, CTV）造成的柑橘衰退病是柑橘生产中最严重的病害之一，该病害的毁灭性流行曾一度改变了柑橘产业的发展进程。

7月12日，美国《公共科学图书馆—病原学》（PLoS Pathogens）在线发表了西南大学柑桔研究所国家柑桔苗木脱毒中心周常勇/曹孟籍团队题为Viromics unveils extraordinary genetic diversity of the family Closteroviridae in wild citrus的研究论文。

论文利用病毒组学研究揭示野生柑橘中长线形病毒多样性，为进一步探究促进柑橘病毒爆发的因素以及长线形病毒科的进化史提供了重要信息。

长线形病毒可能原生于柑橘属

论文共同通讯作者周常勇告诉《中国科学报》，柑橘衰退病毒学名中的tristeza一词在葡萄牙语中意为悲哀或者忧郁，意指许多柑橘属植物在嫁接到酸橙或柠檬等砧木上之后所显现的衰退现象。

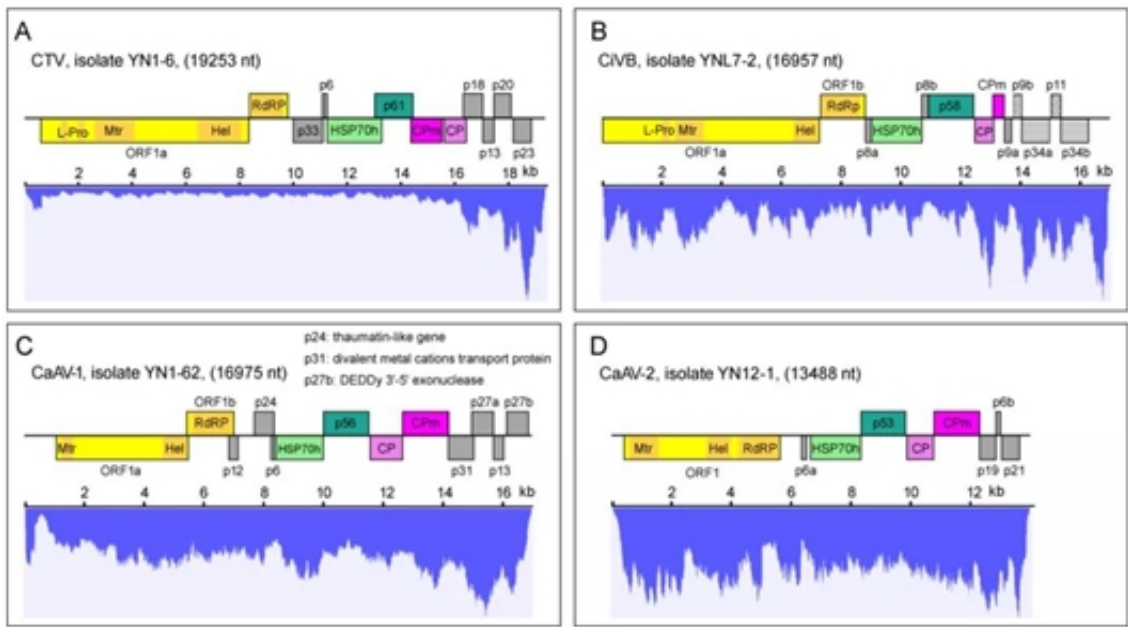


柑橘衰退病毒（CTV）引起衰退、茎陷点、果实变小等症状。西南大学柑桔所供图

他说，葡萄、樱桃和黑莓等都被多种长线形病毒所侵染，而柑橘衰退病毒是长线形病毒科已知唯一侵染柑橘的成员。

论文共同通讯作者曹孟籍在接受《中国科学报》采访时说，他们采集了位于柑橘物种起源中心的云南省哀牢山地区的野生柑橘，利用宏病毒组学方法从中发现了4种长线形病毒，包括已知广泛分布的柑橘衰退病毒的5种基因型和3种新的长线形病毒。

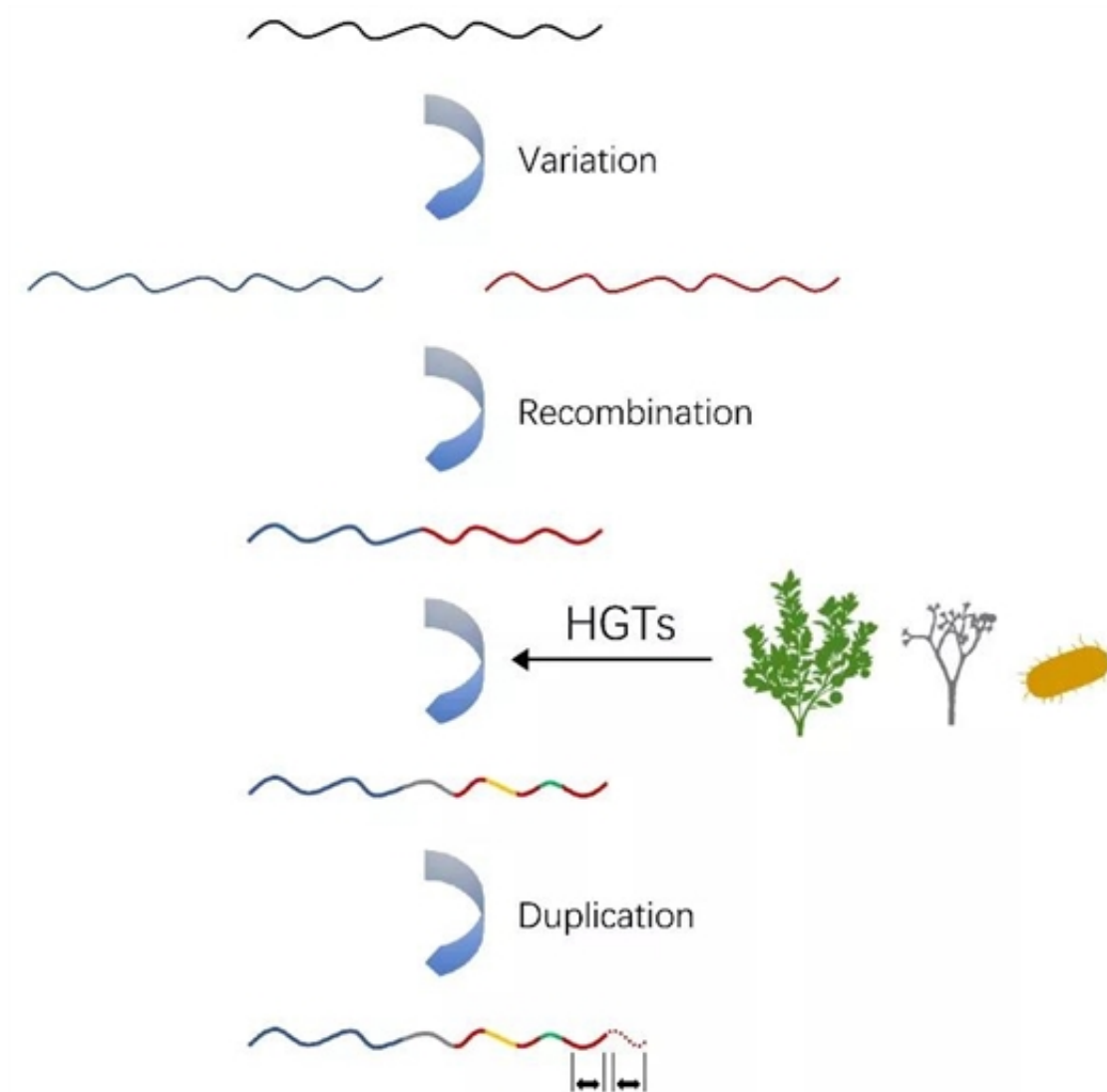
在野生柑橘中仅发现了长线形病毒，这表明柑橘衰退病毒和其它的柑橘长线形病毒可能是柑橘类植物原生的，随柑橘寄主共同进化而来，而其它侵染柑橘的病毒可能是从其它植物转移到栽培柑橘上。周常勇说。



野生柑橘中鉴定到的长线形病毒。西南大学柑桔所供图

长线形病毒多样性远超认知

曹孟籍说，在漫长的共进化过程中，这些长线形病毒与植物宿主中的真菌、细菌以及其它寄生物共存，使得病毒可以通过水平基因转移招募不同来源的基因。

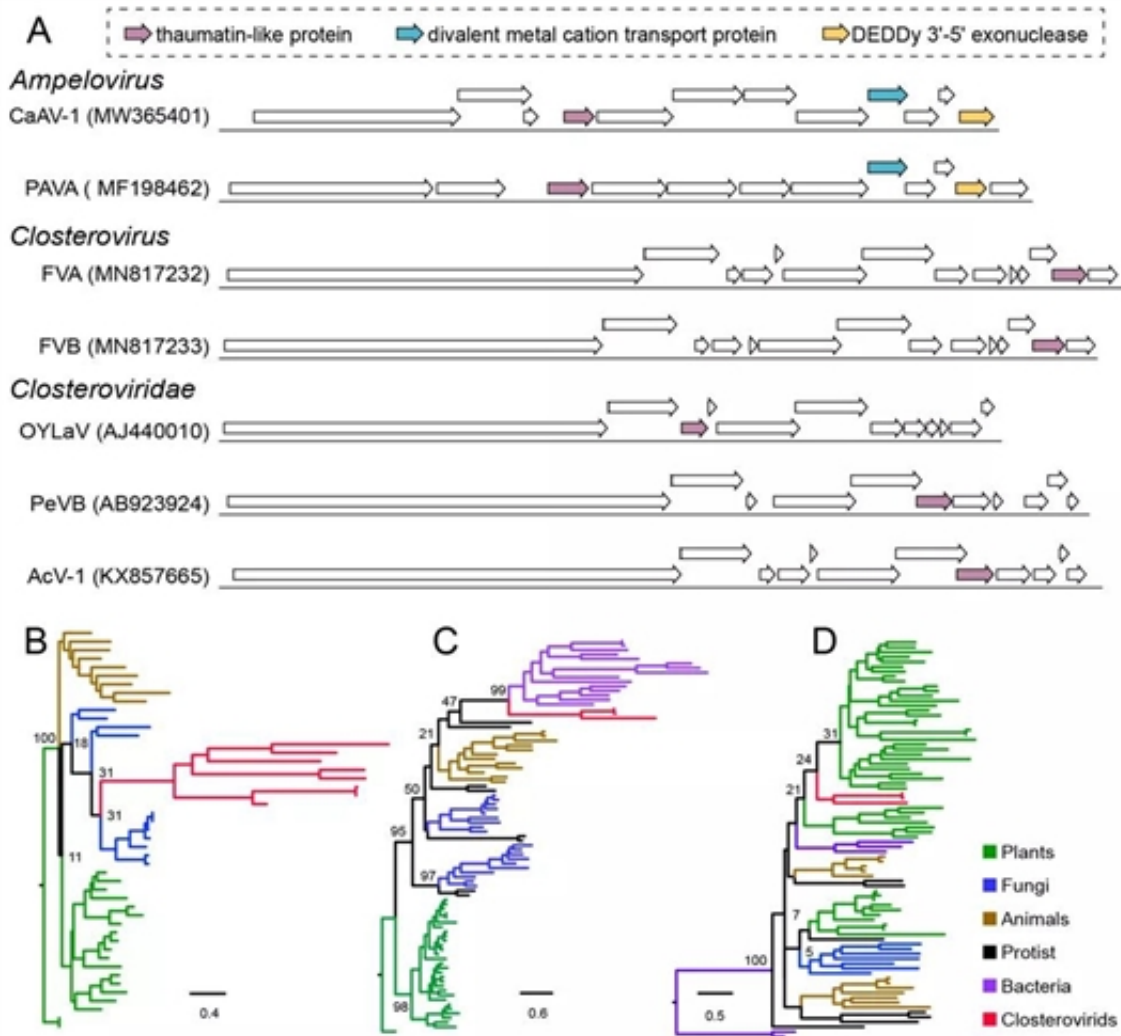


频繁的水平基因转移、基因重复和重组驱动了长线形病毒的进化。西南大学柑桔所供图

他们研究发现，频繁的水平基因转移、基因重复和表达策略的改变，塑造了长线病毒科的基因组复杂性和多样化。

论文共同第一作者、西南大学柑桔研究所脱毒中心硕士研究生刘齐燕说，新鉴定到的病毒表明，长线形病毒科的多样性远远超过之前的认知。因为这些新的长线形病毒与已知的长线形病毒科成员相比序列差异很大，具有与不同来源的细胞生物基因重组的能力，基因组结构和表达策略有较大差异。

他们从侵染柑橘和其它植物的长线形病毒中鉴定出了3个水平转移基因，即外源基因，分别编码类甜蛋白、金属离子转运蛋白和3-5核酸外切酶。其中，类甜蛋白与作物抵抗真菌和逆境相关，而3-5核酸外切酶是除冠状病毒以外唯一一例RNA病毒编码核酸外切酶。

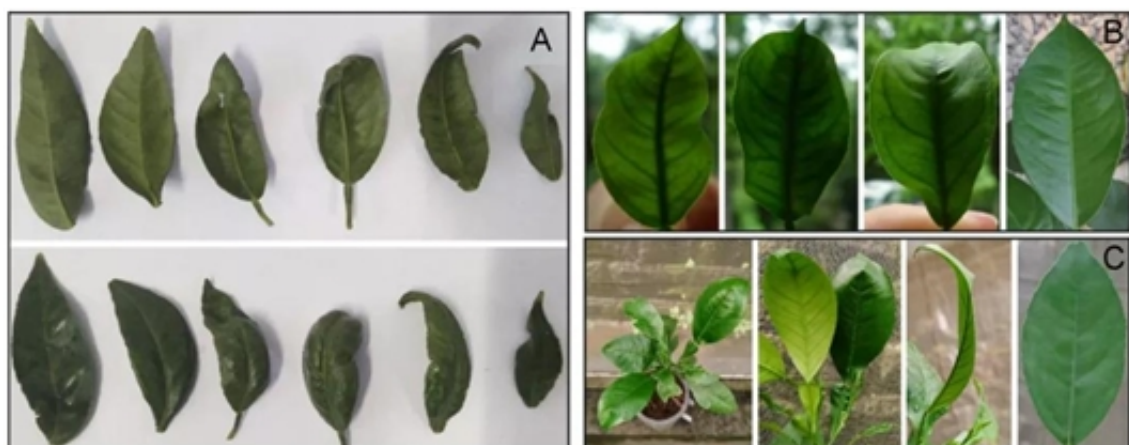


长线形病毒科频繁的水平基因转移。西南大学柑桔所供图

曹孟籍强调，水平基因转移和基因重复与长线形病毒科成员的基因组大小和复杂性的形成密切相关，而随后的共分化和跨物种传播事件可能产生了长线形病毒其它各不相同的基因。

应长期监测长线形病毒

论文共同第一作者、西南大学柑桔研究所脱毒中心博士研究生张松介绍，嫁接试验显示，其中一种新病毒在不同的柑橘品种上都表现出卷叶相关的症状，而其它的柑橘长线形新病毒的症状和流行风险还有待探究。



CaAV-1单独侵染的柑橘生物学症状分析。西南大学柑桔所供图

我国作为柑橘的起源地之一，其中蕴藏的病毒种类相当丰富，我们的工作提示了野生柑橘资源保护的重要性。一些病毒与柑橘寄主长期共同进化，为了生存之必要并不会在原生寄主上产生非常严重的症状。一旦它们在栽培柑橘中流行并传播到不同的柑橘品种上，将有可能对柑橘产业形成毁灭性打击。周常勇说。

尤其是在现代作物大面积单一栽培的种植模式下，植物更容易受到各种病原物的影响，而贸易全球化又将促使它们向新的区域传播。

因此，周常勇建议，有必要对这些长线形病毒在不同柑橘品种上的症状和传播方式等生物学特性展开研究，并监测其致病性和流行病学特征，对其可能的传播渠道加以管控。

是病毒，也能用于控制柑橘病害

曹孟籍告诉《中国科学报》，病毒是一把双刃剑，作为病原体，它们可能会引起各种农业作物的产量损失。但是，从有益的角度来看，一些由长线形病毒衍生的RNA干扰载体可用于植物病害的控制。

RNA干扰又称转录后基因沉默，是指将特异性同源双链RNA导入到细胞内，使目的基因不表达或表达水平下降。

柑橘木虱是引起柑桔黄龙病的主要传播者。2014年，科学家曾以柑橘衰退病毒为原型开发了RNA干扰载体，并在柑橘植物中表达诱导柑橘木虱翅膀异形的基因。可作为减轻柑橘黄龙病在田间传播的临时解决方案。

此次发现的新的柑橘长线形病毒同样具有大型的基因组，可用于构建新的适用于柑橘树的载体，从而成为柑橘保护和改良的工具。曹孟籍说，因为由柑橘原生病毒所改造的载体在柑橘寄主上将会拥有更好的特异性和适应性。其次，长线形病毒较大的基因组可以容纳更大的外源基因，例如与植物抗逆性、抗病相关的基因等，提供其它植物病毒载体无法比拟的遗传能力和稳定性。

据悉，目前已有几种长线形病毒被开发为载体用于几种经济木本植物，而新发现的长线形病毒具

有作为柑橘病害控制和性状改良的载体构建的良好潜力。

研究主要由国家重点研发计划、国家自然科学基金、中央高校基本科研业务费专项资金项目等项目资助。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009751>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：周常勇等 来源：《公共科学图书馆—病原学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发