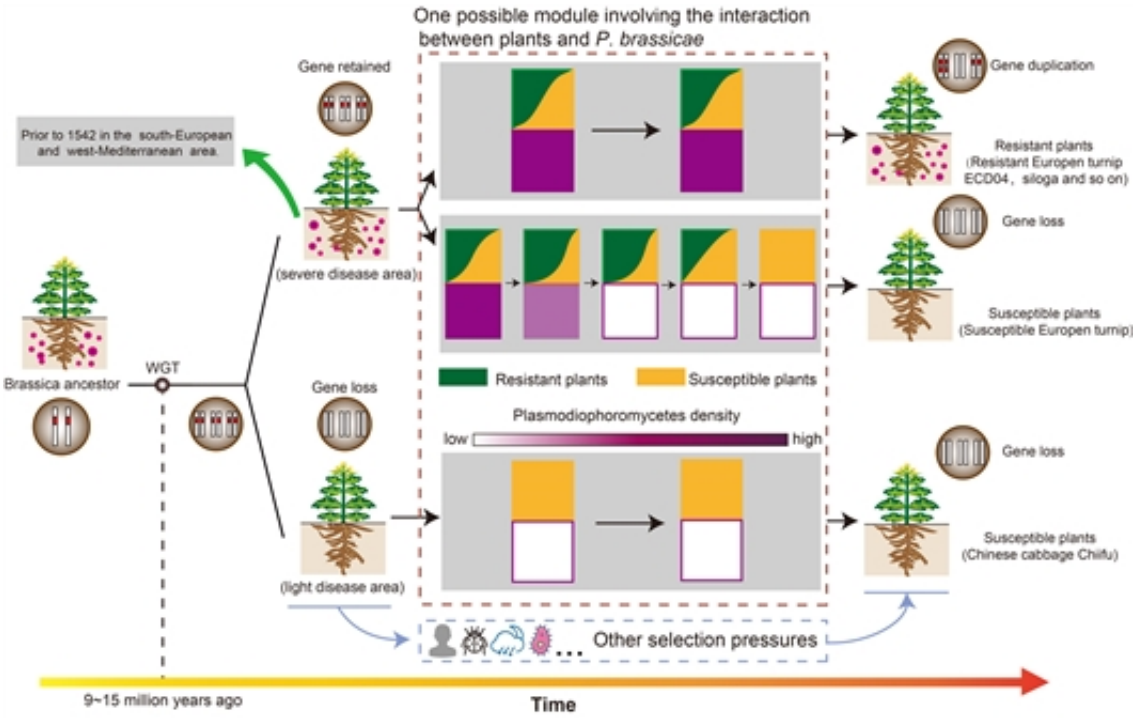
抗根肿病芜菁高质量参考基因组发布

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18116.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！

抗根肿病芜菁高质量参考基因组发布。



芸苔属植株在长期对抗根肿病菌的过程中CR基因的进化模型 课题组供图

近日，华中农业大学教授张椿雨、教授杨庆勇团队与沈阳农业大学教授朴钟云团队合作，发布了抗根肿病的欧洲芜菁ECD04参考基因组，揭示了芸薹属根肿病抗性基因的演化历程，为十字花科作物抗根肿病基因的克隆、标记开发，以及抗性育种提供了重要参考。研究论文在线发表于《植物生物技术杂志》。

十字花科是植物中最繁盛的科之一，包含许多重要的蔬菜、油料和饲料作物，如白菜、甘蓝、油菜、芥菜、萝卜等。十字花科作物在我国分布广、面积大，占全国油料作物总面积的40%以上，蔬菜面积的30%以上。根肿病被称作十字花科癌症，是一种由根肿病菌引起的一种土传性病害，通常会导致作物根系形成大量的肿瘤，从而阻碍作物从土壤中吸收养分与水分，严重者整株枯死。我国每年约320万~400万公顷十字花科作物遭受根肿病的危害，造成20%~30%的减产。

如何防治根肿病已成为当前十字花科作物抗病育种的一大难题，选育和培养根肿病抗性品种被认为是控制根肿病最为经济有效的策略之一。芸薹属A基因组被认为是根肿病抗性的主要来源，其中大部分抗性位点都来源于欧洲芜菁。但目前仍缺乏一个高质量的抗根肿病（CR）材料的参考基因组，严重阻碍了十字花科作物中抗根肿病基因的挖掘与应用。

该研究采用第三代PacBio测序技术结合染色体构象捕获（Hi-C）技术，成功组装了欧洲抗根肿病芜菁ECD04的基因组，获得了染色体水平的参考基因组序列。借助高质量参考基因组，该研究成功将已报道的28个抗根肿病位点进行了系统整合，共定位出15个抗根肿病位点，并鉴定到62个抗根肿病候选基因。通过转基因、接菌实验和RT-qPCR验证了两个位点中的候选基因CRA3.7.1和CRA8.2.4对根肿病的抗性。在此基础上，该研究通过比较基因组学和系统发育分析发现多个候选CR基因均来自祖先基因组的U区段。通过与盐芥基因组的共线性分析发现，两个已被证实具有抗根肿病功能的基因CRA3.7.1和CRA8.2.4在芸薹属三倍化之前的祖先基因组中已经存在。比较基因组学分析结果表明，感病的白菜和油菜基因组的CRA3.7.1和CRA8.2.4序列存在大片段的结构变异以及转座子插入，可能与其抗性的缺失有关。

基于以上研究结果，论文提出根肿病菌与芸薹属作物的进化模型。全基因组三倍化使得祖先基因组中的抗性基因加倍，增强了植株对根肿病的抗性。在芸薹属植物与病菌长期互作和进化过程中，三种互作模式共同存在：1）宿主与病菌达到了动态平衡状态，抗根肿病基因受到强烈正选择而一直保留；2）宿主中根肿病抗性逐渐增加，限制了根肿病菌扩散直至逐渐消失，最终导致抗根肿病基因功能丧失；3）人类的活动使得芸薹属植株传播到其它没有根肿病的地区，导致抗性基因功能逐渐丧失。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/pbi.13827

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：张椿雨等 来源：中国科学报

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转发