

---

# 研究揭示茄科作物晚疫病致病机理

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/32732.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！**

**研究揭示茄科作物晚疫病致病机理。**近日，中国农业科学院深圳农业基因组研究所（岭南现代农业科学与技术广东省实验室深圳分中心）研究员周绍群课题组在《植物生理学》（Plant Physiology）在线发表了学术论文。通过分析致病疫霉在本氏烟草、番茄与马铃薯等茄科植物上早期侵染阶段的互作转录组数据，挖掘非寄主抗性相关功能基因。

晚疫病是由病原卵菌致病疫霉引起的毁灭性病害，对马铃薯和番茄的生产造成严重威胁，每年在全球范围导致的经济损失与防控成本逾百亿美元，是我国农业农村部认定的一类农业病害。如何建立番茄与马铃薯品种对晚疫病的广谱持久遗传抗性，是构建晚疫病绿色防治技术体系的关键一环，也是番茄与马铃薯育种中的重要科学问题。

研究收集了致病疫霉在侵染不同茄科植物24小时以内的转录组数据，用于基因共表达关联网络分析与直系同源基因差异表达模式分析。分析结果表明，不同植物物种在致病疫霉侵染早期阶段表现出明显的转录程序差异，但这一差异随着侵染进程的推移而逐渐趋同。

基于这一结果，研究团队进一步利用致病疫霉优势寄主物种（番茄、马铃薯）与非天然寄主物种（本氏烟草）之间的转录动态差异鉴定验证了多个数量抗性基因。结果发现，一个在番茄与马铃薯中被特异性诱导上调的GONST1.1基因显著恶化了致病疫霉侵染后的叶片坏死症状，而在Micro Tom番茄品系中敲除该基因可将晚疫病抗性提升近30%，证明该基因是一个促进致病疫霉侵染的寄主易感基因。

研究揭示了致病疫霉在侵染不同茄科植物时，其自身的基因表达模式也体现出明确的寄主物种特异性。研究挖掘到了多个协同表达的富甘氨酸蛋白编码基因可能同样具有效应子功能；进一步功能实验结果表明其中的两个蛋白在植物中瞬时过表达后可分别促进致病疫霉侵染或导致植物组织坏死。

研究为解析致病疫霉侵染分子机制提供了新见解，也为提升番茄与马铃薯晚疫病遗传抗性提供了新思路。

基因组所（大鹏湾实验室）博士后蔡艳玲为该论文第一作者，周绍群为该论文通讯作者。该项目得到了广东省重点领域研发计划项目，科技部重点领域研发计划项目，广东省基础与应用基础研究重大项目，中国农科院创新工程，深圳市基础科研机构项目与深圳市杰出人才项目基金支持。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/plphys/kiaf112>

---

作者：周绍群等 来源：《植物生理学》

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](http://www.iikx.com)转发