

---

# 玉米南方锈病跨境传播与毒性演化研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36422.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！

## 玉米南方锈病跨境传播与毒性演化研究取得进展

。玉米南方锈病是专性活体寄生真菌——多堆柄锈菌（*Puccinia polysora*）引发的远距离气传性病害。由于缺乏系统的地理分布数据及种群遗传数据，该病原菌的迁移路径、毒性演化机制及传播来源尚不明晰。

近期，中国科学院微生物研究所研究团队，联合泰国、菲律宾、乌兹别克斯坦等国家的科研机构，揭示了多堆柄锈菌在中国及东南亚地区的遗传多样性特征、毒性演化机制及区域传播规律，为玉米锈病防控提供了科学支撑。

研究团队采用“田间转录组”测序技术，并基于P.

*polysora*

高质量参考基因组和玉米B73参考基因组，在田间转录组数据中同时解析了病原菌的遗传变异与寄主的抗性反应，为大规模跨境病害监测提供了新的技术方案。团队通过整合基因流分析与气流轨迹模拟，揭示了寄主选择在本地谱系形成中的关键作用，并指出了中国北方病害流行主要受国内菌源影响，而非持续的境外输入。团队进一步聚焦病原菌关键毒性因子，发现约18%的效应子具有谱系特异性，其中AvrRppC

具有最强正选择信号，并演化出17种不同等位基因型。同时，研究显示，菲律宾吕宋岛发现的高分化谱系PH1携带全新AvrRppC等位基因型，可克服抗性品种RppC的抗性，对邻近地区构成潜在的输入威胁。

这一研究回溯了P. *polysora*的全球入侵历史，为学界理解P. *polysora*全球传播历史提供了更完整的视角。

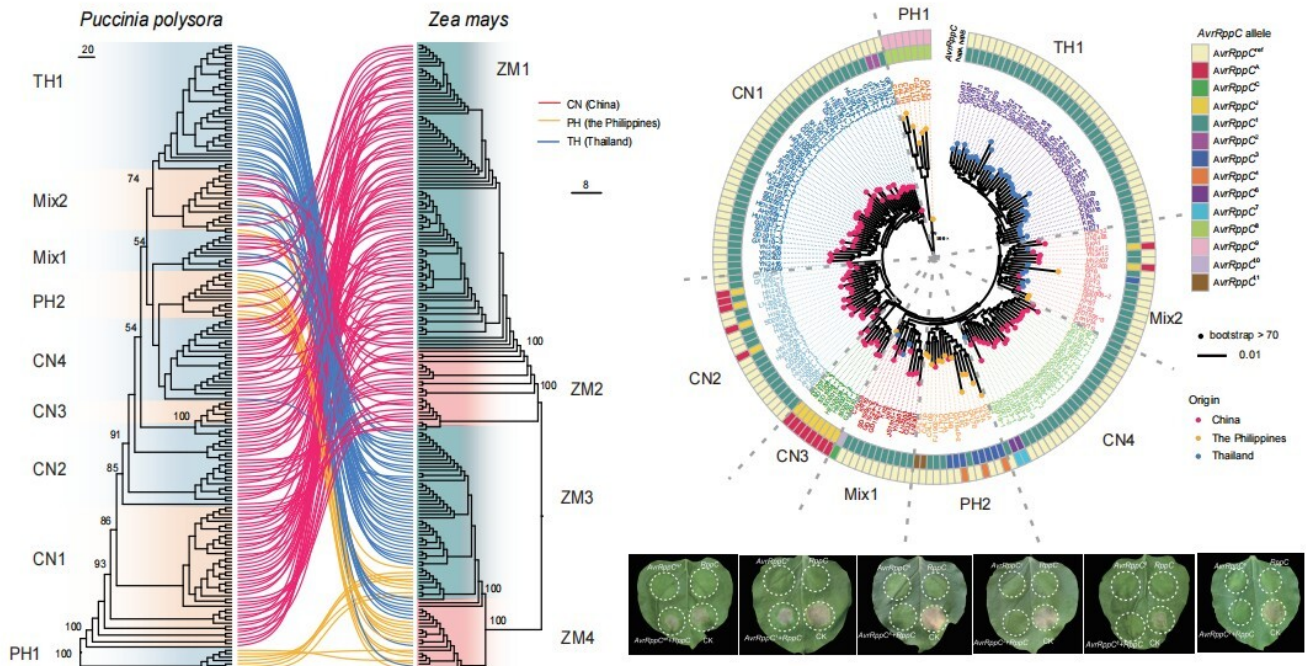
相关研究成果发表在《分子植物病理学》（*Molecular Plant Pathology*

）上。研究

工作得到“一带一路”

国际科学组织联盟（ANSO）联合研究合作专项、中国科学院战略生物资源计划等的支持。

[论文链接](#)



多堆柄锈菌全球传播历史、谱系分化及AvrRppC毒性变异

研究团队单位：微生物研究所

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