

新闻中心

当前位置： 首页 » 新闻中心 » 科研进展

要闻

科研进展

党政工作

领导关怀

媒体报道

通知公告

基因组所周永锋课题组与加州大学合作发表野生葡萄的抗皮尔斯病的全基因组效应和气候适应性机制

2023-06-09 05:15:02 来源:

【字体：大 中 小】

近日，基因组所周永锋课题组与美国加州大学共同发表了野生葡萄的抗皮尔斯病的全基因组效应和气候适应性机制，深度剖析了在野生葡萄中由苜蓿木杆菌引起的皮尔斯病的复杂遗传结构，并筛选到了抗性关联的基因组区域，确定了适合遗传引入易感作物的候选基因，通过比较育种系和野生葡萄物种的特征，发现了皮尔斯病关键抗性性状起源的线索。相关研究成果发表在《通讯生物学 (Communications Biology) 》上。

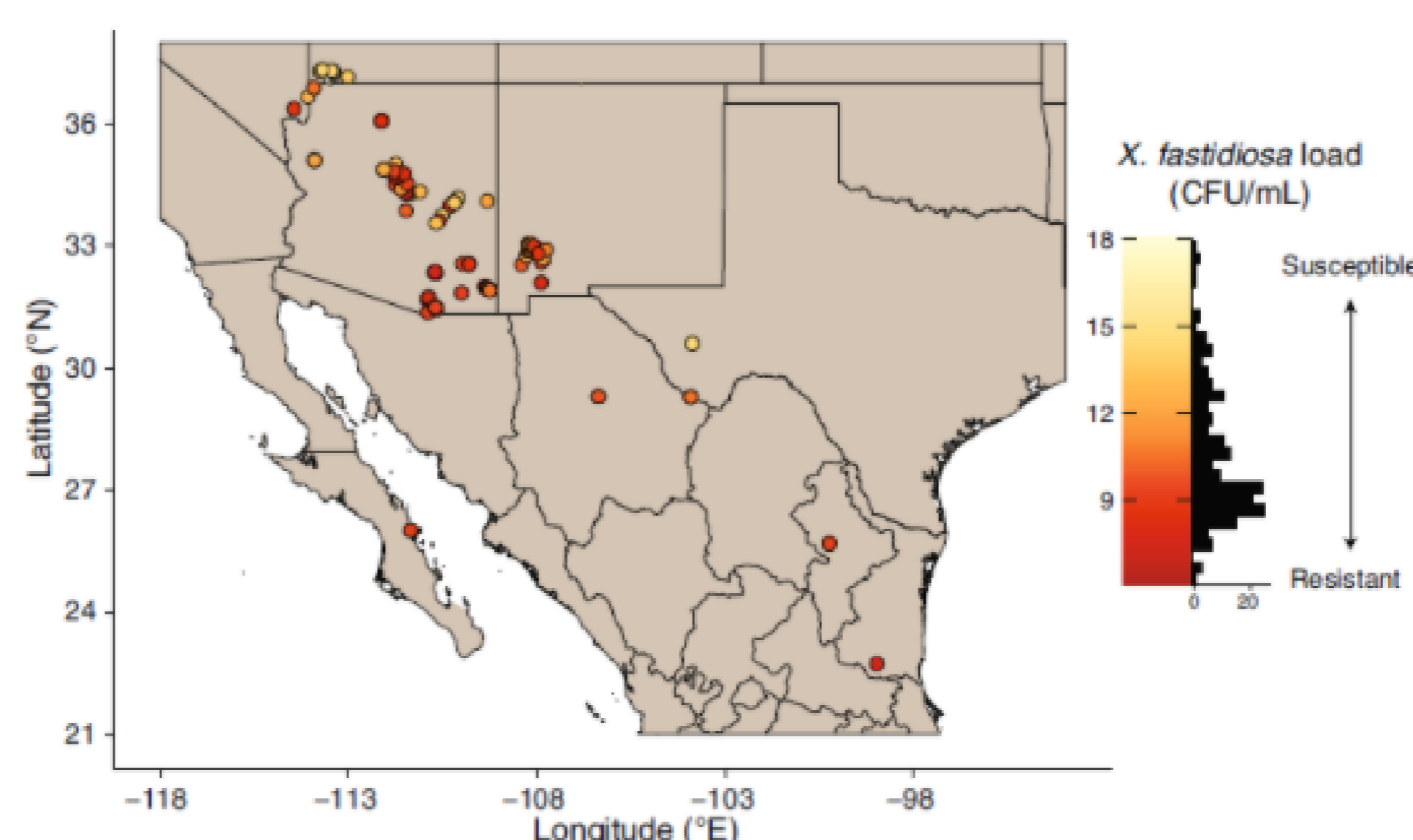


图1 V.arizonica样本采集和表型数据

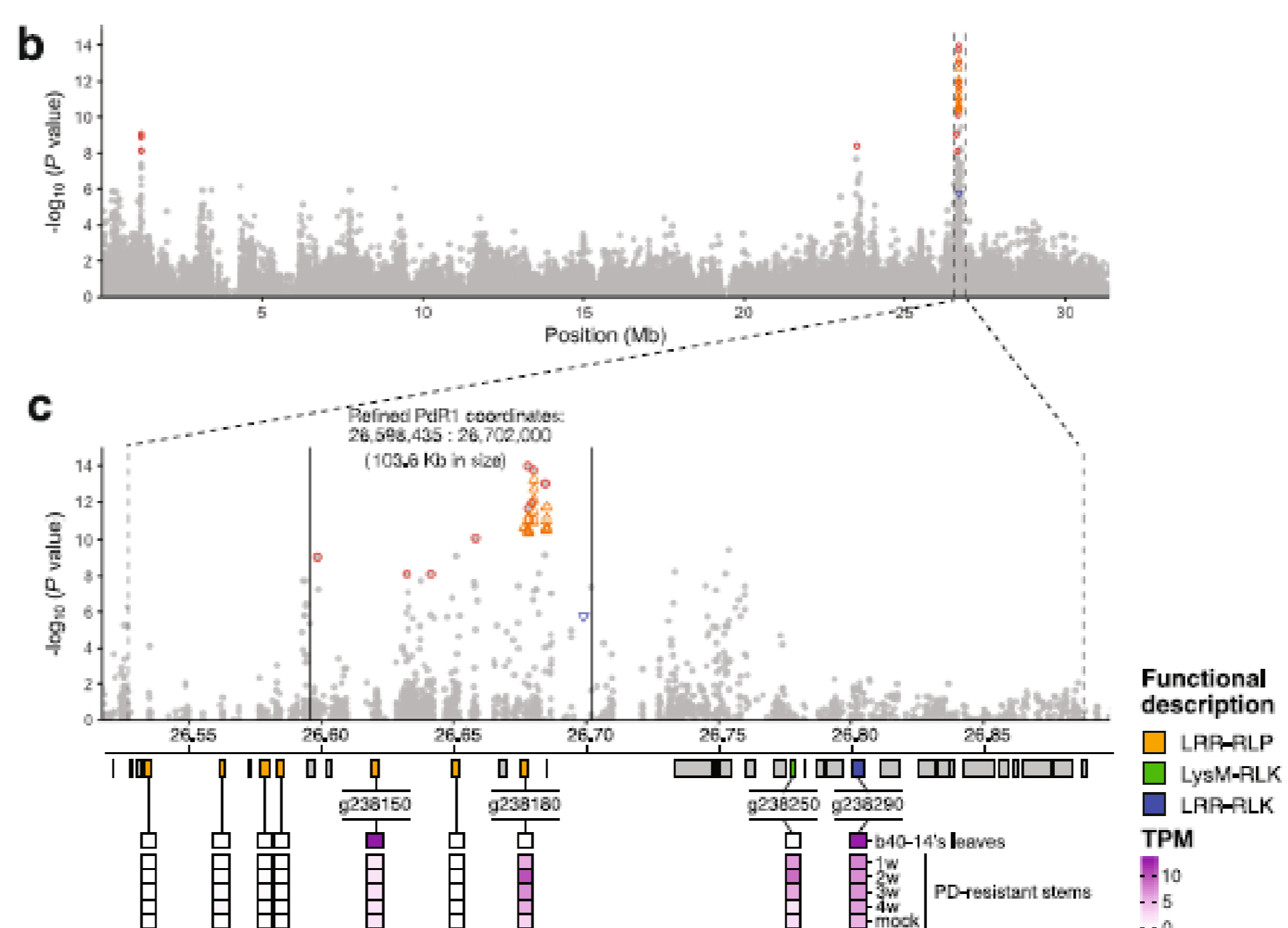


图2 PdR1区域的遗传分析

皮尔斯病 (Xylella fastidiosa) 是由一种革兰氏阴性细菌——苜蓿木杆菌引起的，这种细菌会阻塞植物的导管，造成水分和养分的运输障碍，进而导致植物出现焦叶、干叶的症状。目前，野生葡萄中抵抗这种细菌的抗性基因位点及其基因组结构知之甚少，特别是多基因效应的抗性位点分布如何适应不同的气候变化的机制仍不清晰。

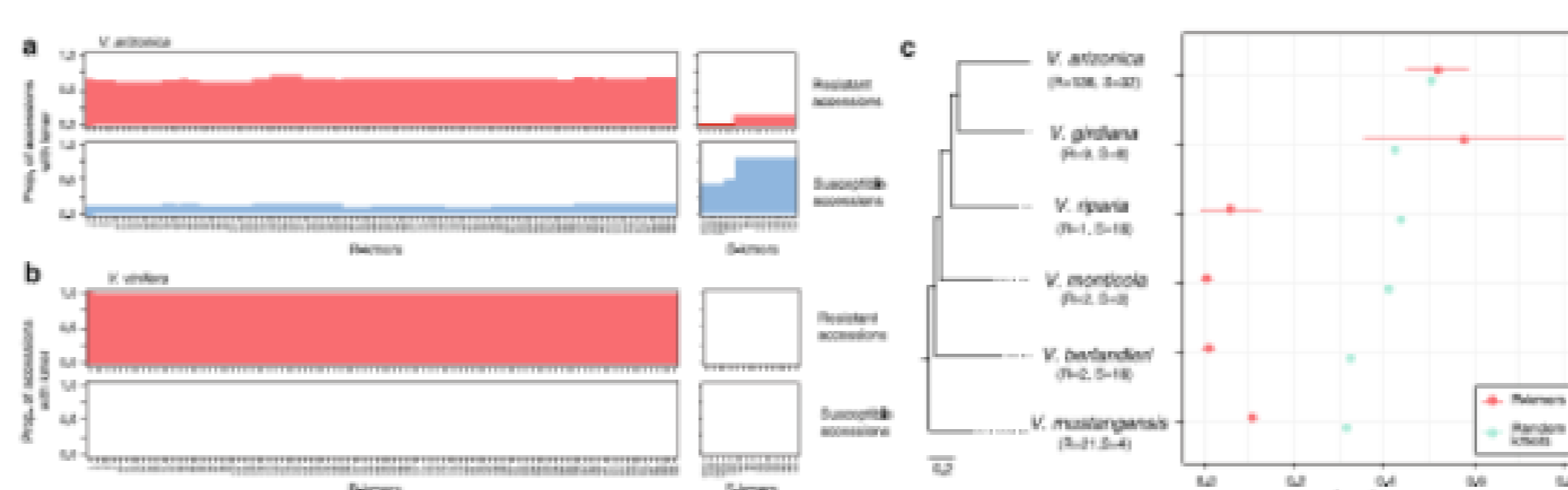


图3 不同数据集集中的耐药性和易感性

研究人员以北美野生葡萄种 (V. arizonica) 为研究对象，通过全基因组关联分析并结合群体基因组、转录组、比较基因组学分析，结合全基因组关联分析，发现了多个与抗性相关的基因区域以及候选基因，以及结构变异在皮尔斯病抗性中的作用。同时基于54个气候模型预测，确定了在苜蓿木杆菌压力下可能扩大或收缩的区域，比如加拿大，东欧，俄罗斯和北亚的大部分地区气候将低于10°C BIO8阈值，这些地区未来受到病原体威胁较小。此研究提供了葡萄有关皮尔斯病抗性的遗传学、进化和生态学信息，并针对这种在经济上具有破坏性和不断蔓延的病原体提供防治策略。

加州大学伯克利分校博士后Abraham Morales-Cruz、加州大学尔湾分校博士后Jonas Aguirre-Liguori为论文的共同第一作者，中国农业科学院深圳农业基因组研究所周永锋研究员、加州大学戴维斯分校Dario Cantu教授和加州大学尔湾分校Brandon S. Gaut教授为共同通讯作者。来自加州大学戴维斯分校的Andrew Walker教授、美国农业部圣华金谷农业中心Summaira Riaz教授等国际合作者参与了该研究。该项目得到了美国国家科学基金会 (NSF #17414627)、葡萄栽培基金会和加州大学墨西哥分校博士后研究基金的资助。

论文链接: <https://www.nature.com/articles/s42003-023-04938-4>

- 政府机构 合作机构 合作媒体 中国农业科学院院机关 院属单位



中国农业科学院深圳农业基因组研究所

联系我们

电话: 0755-23250158

邮箱: zonghechu01@caas.cn

加入我们

人才招聘

招生信息

了解我们

本所概况

科研队伍

关注我们

微信公众号



已服务746天 创新1080天