



## 我所在茄子抗青枯病机制研究方面取得新进展

时间: 2024-01-18 15:02 来源: 本网 【字体: 大 中 小】 分享到:

近日, 我所联合中国农业大学、广西农业科学院蔬菜所在Horticulture Research (中科院一区, IF=8.7) 发表了题为“A QTL of eggplant shapes the rhizosphere bacterial community, co-responsible for resistance to bacterial wilt”的研究论文, 揭示了茄子抗青枯病新机制。我所官超副研究员、中国农业大学王震烁副教授为论文第一作者, 我所李涛研究员和广西农业科学院王益奎研究员为论文通讯作者, 我所李植良研究员、孙保娟研究员、哈尔滨农业科学院李焱研究员等人参与了项目指导。

青枯病素有“植物癌症”之称, 是一种毁灭性土传细菌病害, 一旦发生常造成茄科作物严重减产甚至绝收, 优质茄果类蔬菜抗青枯病育种及生物防治是国际难题。本研究将高抗青枯病的栽培种自交系R06112的抗病主效QTL定位于10号染色体上270 kb区间 (EBWR10), nsLTPs为青枯病调控基因; 同时发现EBWR10能够驱动茄子根际细菌群落组成, 显著募集芽胞杆菌 (*Bacillus. pp*); 从抗病株系根际分离的三株芽胞杆菌组成的SynCom能够显著减少茄子、番茄青枯病的发生, 激活依赖SA 和 JA信号通路的ISR, 激活茄子、番茄对青枯菌的免疫反应。

本研究首次发现植物抗病QTL能够募集有益根际细菌, 二者共同调控青枯病抗性, 并为抗病品种的有益根际微生物可以遗传给后代提供直接证据, 为利用抗病品种的QTL驱动有益菌群实现病害精准防控提供新的思路。

该研究得到广西科技计划重大专项 (AA22068088-2)、广东省基础与应用基础研究基金 (2021A1515012490)、国家自然科学基金 (32372702)、广东省农业科学院科技创新战略专项资金—高水平农业科学院建设 (202114TD,R2020PY-JX003,R2023PY-JX008) 等项目共同资助。

