

---

# 遗传发育所等在小麦赤霉病研究方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21886.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！**

## 遗传发育所等在小麦赤霉病研究方面取得进展

。小麦赤霉病为全球小麦生产上常发的重要病害之一，由禾谷镰刀菌等多种镰刀菌属真菌侵染开花期的穗子造成，不仅对产量造成严重损失，而且脱氧雪腐镰刀烯醇等真菌毒素的积累还会影响小麦品质及威胁人类健康。目前我国防治小麦赤霉病主要依靠初花期打药来降低赤霉病发病。小麦抗赤霉病新品种选育并持续进行新抗病基因发掘，是最有效的防控途径之一，但长期以来缺少抗性材料和理想的抗病基因资源，目前仅Fhb1

基因被较为广泛地应用于育种

生产，但其抗病机制并不清晰，而且Fhb1

的利用背景依赖性很强，对一些冬性小麦的改良并不理想。因此，发掘小麦抗赤霉病育种的遗传基础尤为重要。

此前，研究人员利用四倍体长穗偃麦草开始了小麦远缘杂交育种工作，以硬粒小麦为母本，四倍体长穗偃麦草为父本进行杂交、回交和连续自交，意外发现育成的六倍体小偃麦具有非常好的赤霉病抗性。鉴定发现二倍体长穗偃麦草同样高抗赤霉病，且近期发表的研究表明四倍体长穗偃麦草是由二倍体长穗偃麦草同源加倍、进化而来的。

为拓宽小麦遗传资源及改良小麦赤霉病抗性，中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员韩方普团队鉴定发现含有二倍体长穗偃麦草（*Thinopyrum elongatum*）7E染色体的小麦材料具有很好的赤霉病抗性（Fu et al., JGG, 2012）。从2010年开始，团队利用10年时间集中进行二倍体长穗偃麦草端体附加系（CS-7EL）的花粉辐射工作，通过对843个稳定的易位系进行连续多年多点的大田、温室赤霉病接菌鉴定和回交转育，筛选得到了多份兼具赤霉病抗性且农艺性状优良的小麦新品系（Guo et al., 2023 unpublished），其中，易位系中科166（7D染色体小片段易位系）作为中抗赤霉病材料于2022年通过国家审定，易位系中科1878（6D染色体小片段易位系）进入国家小麦良种联合攻关2022-2023年生产试验。

韩方普在加拿大农业部工作期间，鉴定发现含有十倍体长穗偃麦草（*Thinopyrum ponticum*

）7E2染色体的

易位系及来自KSU的10份易位

系均不抗赤霉病。团队成员们对含有Fhb7基因的小麦-十倍体长穗偃麦草衍生系进行赤霉病抗性鉴定，发现小麦-十倍体长穗偃麦草易位系TNT-B和小麦-

十倍体长穗偃麦草部分双二倍体SNTE122均高感赤霉病（Guo et al., Plants, 2022）。

从2013年开始，团队系统地进行了分子标记开发、抗病基因区段定位，得到61个7E染色体长臂特

---

异的分子标记，并初步将抗病基因定位到7E染色体长臂末端，发现5个分子标记与抗病区段紧密连锁。

易位系中科1878具有很好的赤霉病抗性，单花滴注接种鉴定达到苏麦3号抗性水平，在济麦22背景下将发病小穗数从13.43将低至1.43，基因组重测序表明小麦6D染色体长臂末端携带100Mb左右的二倍体长穗偃麦草7E染色体末端易位片段（图1a-c）。为筛选来自7E染色体的抗赤霉病基因，团队对中科1878和济麦22接菌96小时后的小穗进行三代转录组测序，最终筛选到25个与小麦差异较大的长穗偃麦草来源的转录本，其中，转录本T26102注释为GST蛋白，在接菌48小时后表达量显著上调（图1d,e），并且与已经发表的GST-Fhb7高度同源。

为进一步研究T26102与赤霉病抗性间的关联，团队发现CS-7EL附加系、中科1878、小麦-十倍体长穗偃麦草易位系4460、4462和小麦-十倍体长穗草部分双二倍体SNTE20均含有T26102的同源序列，且CS-7EL、中科1878、SNTE20中均含有两个不同的拷贝（图1f）。对含T26102同源序列的材料进行接菌鉴定，他们发现4460、4462、SNTE20接菌96小时后表达量均显著上调，却与对照材料济麦22同样表现高感赤霉病（图1g-i），该结果与2022年此前研究中易位系TNT-B和SNTE122的相关结果一致（Guo et al., *Plants* 2022）。

为进一步确定T26102的功能，研究人员首先构建了pUbi:T26102过表达载体，得到了19AS161、济麦22、中麦175三个品种的转基因植株，对T<sub>0</sub>代植株和野生型对照进行赤霉菌接菌鉴定，接菌7天后穗子均部分干枯，过表达植株抗性水平与野生型相比没有显著差异（图2j,k）。为排除T26102与Fhb7间的氨基酸差异和启动子序列差异，研究人员对已发表的Fhb7

代转基因植株和科农199背景的T<sub>1</sub>代转基因植株进行接菌鉴定，发现转基因植株的抗性与对照没有显著差异（图2l-n）。

研究结果表明，T26102的同源序列在多个感病材料中存在且受诱导表达，其中部分材料中的序列与已发表的Fhb7基因区序列、启动子区序列均完全一致，T26102的过表达植株和Fhb7的过表达、内源启动子植株均不具有赤霉病抗性。Fhb7不是抗病基因，根据多年鉴定及系统材料研究，在十倍体长穗偃麦草中还没有发现类似二倍体长穗偃麦草的赤霉病抗性材料或基因。

相关研究成果于近日以Functional analysis of the glutathione S-transferases from *Thinopyrum* and its derivatives on wheat *Fusarium* head blight resistance为题发表在Plant Biotechnology Journal上。

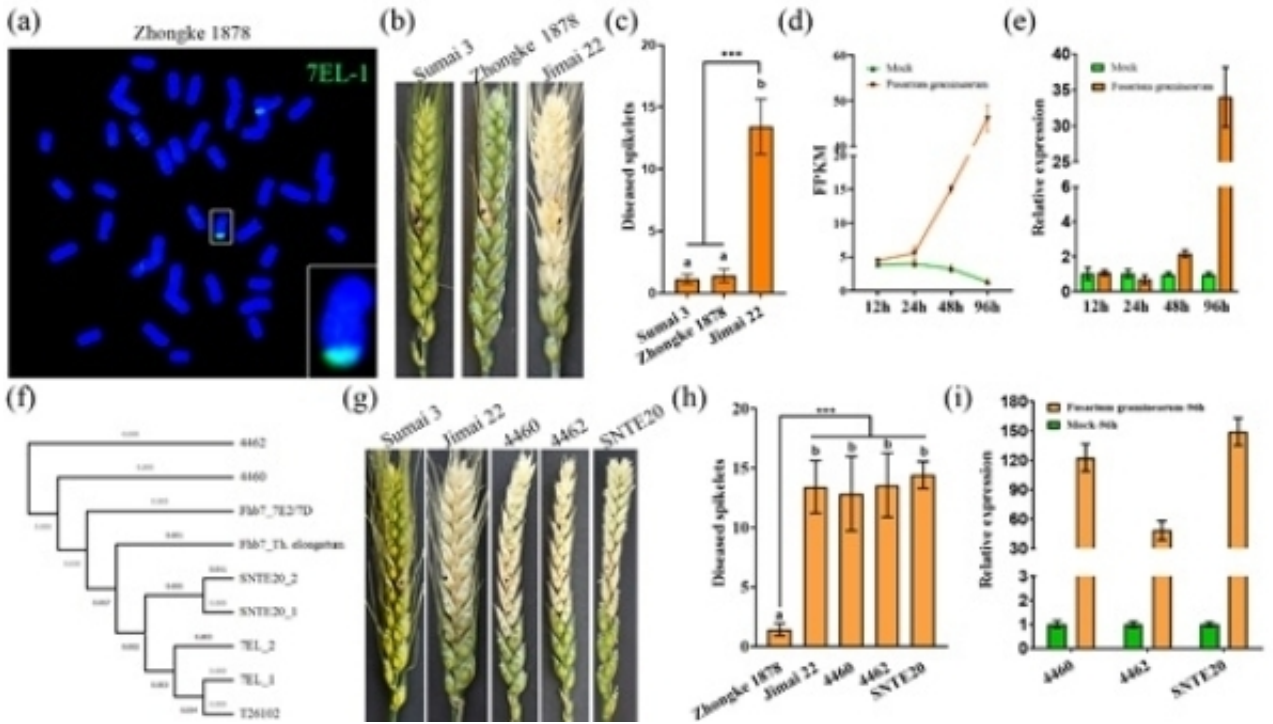


图1 T26102在赤霉病抗感材料中均有分布且受禾谷镰刀菌诱导表达

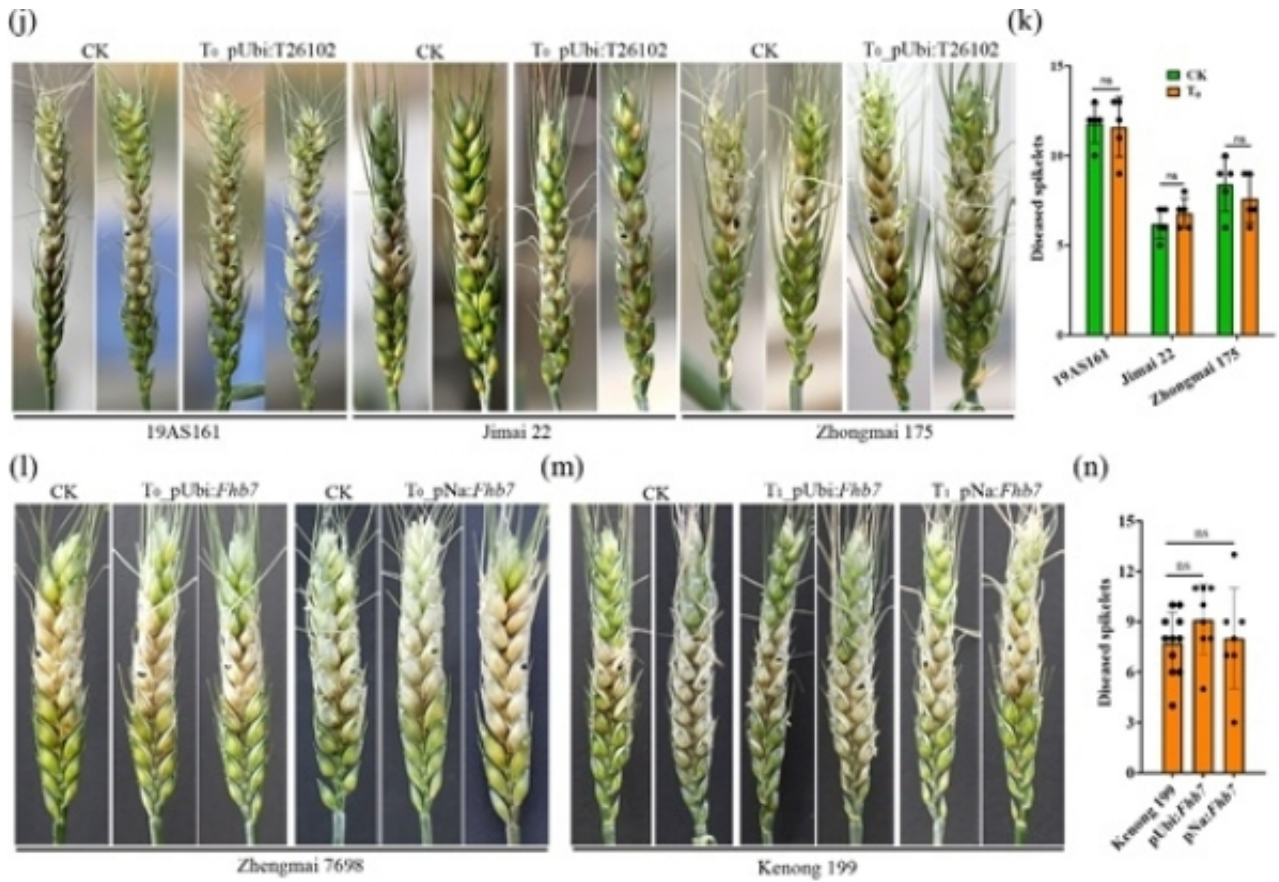


图2 T26102及Fhb7转基因植株均表现高感赤霉病

---

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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