
科学家给马铃薯装上“杀毒软件”

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36411.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！

科学家给马铃薯装上“杀毒软件”。整整180年前开始的一场马铃薯晚疫病席卷爱尔兰，以马铃薯为主食的爱尔兰人遭受了毁灭性灾难，数年间不仅导致百万人死亡，而且深刻改变了英格兰治下的爱尔兰的命运。

如今，这种被称为植物瘟疫的病害仍是全球农业的噩梦——尽管全球用在马铃薯生产上的农药超过70%都用于防治它，但每年仍造成约100亿美元损失。



遭受晚疫病侵染的马铃薯叶片。受访者供图



染病叶片上的斑块。受访者供图



在病窝子里建立实验田。受访者供图

?

这些地方真不用像在实验室里那样接种病原菌。材料一旦置于田中，就会自然受到当地毒性变异剧烈的晚疫病病原菌群体的侵袭。这种环境是实验室难以模拟的。在‘病窝子’里能顶得住的品

种，在全国才有希望。董莎萌团队决定在此设置最严考场：让97份马铃薯材料直接暴露于自然环境下，面对多种病原菌小种的围攻，希望能从中筛选出抗病材料。

这种设计确保了筛选出的抗病材料能够经受真实农业环境的考验。

放养在病窝子里的马铃薯材料，田间表现各异，有的高度抗晚疫病，有的高度感病，还有的中规中矩。到底抗病程度如何，我们必须下田一个个仔细观察。自2018年起，董莎萌每年都要去实验基地亲自查看每一份马铃薯材料。

黄三文说，由于很多野生马铃薯材料不能和栽培马铃薯杂交，即便在里面找到了抗病基因，也难以在育种中使用。所以这97份材料都满足一个关键前提——可与栽培马铃薯杂交，这一设计避免了前人有抗病基因却用不了的困境。

经过病窝子田间天然病原的高压试炼后，候选材料还要在实验室里接受人工接种验证。经过多重筛选，最终获得7份高抗材料。这些材料在大田里不施农药依然保持抗性，说明其抗性经得住田间考验，具有稳定性。王路遥说。

传统育种要构建庞大的杂交群体，在若干代后代中筛选抗病性状突出的植株，从中定位抗病基因。然而常见的四倍体马铃薯基因组复杂，其无性繁殖的特性让这种传统方法举步维艰。董莎萌说。

他和黄三文都坚定地相信，基因组大数据能帮他们另辟蹊径。

和传统的方法不同，我们选择直接寻找基因组的‘蛛丝马迹’。黄三文道出了研究的关键创新——直接利用先进的基因组学技术，通过筛选出来的抗病材料，从海量基因数据中寻找规律和答案。我们没有构建传统杂交群体，而是大胆利用野生材料基因组直接进行关联分析。黄三文说，这种创新方法大大缩短了基因克隆周期。

论文共同第一作者、基因组所已毕业博士生李宏博介绍，通过对这些高质量基因组的分析，他们构建了包含近4万个潜在抗病基因的资源库，这是目前植物界最完整的马铃薯晚疫病抗病基因地图。

在这张地图的指引下，他们成功找到了三个全新的抗晚疫病基因。

其中第二个基因名为Rpi-cjm1，是第一个被发现的能够抵抗晚疫病的TIR类型基因。这与之前世界上已经发现的20多个抗晚疫病基因完全不同。Rpi-cjm1的头部含有一个特殊的酶活中心，它能催化底物产生特殊的免疫信号。这相当于打开了一扇全新的抗病大门，为马铃薯抗病育种提供了前所未有的基因资源。

而第三个基因Rpi-brk1则更具新颖性。它就像一个自带特殊插件的智能设备。以往的抗晚疫病基因结构相对固定，而这个基因在标准结构之外，还额外携带了一个被称为HMA的功能模块，团队成员称其为插件。HMA像杀毒软件的识别库，能够直接识别并结合病原菌的关键部位，从而激活植物的免疫系统。

用雷达扫描抗性基因海洋

它不仅为我国带来了具有完全自主知识产权的抗病基因资源，更重要的是，它探索出了一条针对马铃薯这种不便于传统遗传育种作物的新研究范式——即依靠基因组大数据分析来直接、高效地挖掘关键基因。黄三文说。

这或许是打动期刊编辑的主要原因。不过，他们没有停留在机理解析的层面，而是大胆的往前迈了一步。

既然插件HMA能够精准识别致病疫霉，他们猜测，给已经失效的抗病基因加上这个插件，会不会重获抗性？

在我国种植的马铃薯中，有一个晚疫病抗病基因R1自上个世纪起就由于病原菌的变异而失去了抗病性。当他们尝试将Rpi-brk1的HMA插件安装到R1上，这个本已失去抗性的基因竟然重获新生，再次获得了有效抗病能力。实验中，改装后的R1基因成为了一个新的抗病基因，不但保持了对原来病原物蛋白AVR1的识别，还获得了新的识别谱。如果把抗病基因比作手机，我们就是找到了即插即用的功能模块。黄三文说。

插件式策略的提出，更是为未来设计广谱、持久抗病的作物品种提供了充满想象力的全新方案，意味着未来科学家或许能够像拼装乐高积木一样，通过基因编辑技术精准地给作物安装上不同的抗病插件，从而更主动灵活地应对不断变异的农作物病害。

这是一次在作物中通过插件实现抗性改造的重要尝试和验证。团队发现，马铃薯中约有1500个抗病候选基因携带不同类型的插件结构域。未来我们梦想根据病原菌变异趋势，提前设计抗病插件，实现精准预防。董莎萌描绘了应用前景。

我们的工作只是揭开了冰山一角。董莎萌表示，团队已合作开发出基于机器学习的抗病基因预测模型，未来将结合AI技术，实现对插件结构域的定向进化改造，使其能够识别更多种类的病原菌信号分子。不再用‘钓鱼法’一个个找基因，而是用‘雷达’扫描整个基因海洋，用‘导弹’去精准追踪病菌。

正如论文审稿人所评价的：这项研究为马铃薯抗病基因的进化与功能提供了宝贵见解，构建了新型抗病基因挖掘的研究框架，对培育新型抗晚疫病马铃薯品种具有重要价值。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：<https://www.nature.com/articles/s41586-025-09678-5>

作者：黄三文等 来源：《自然》

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](https://www.iikx.com)转发