

中国青年植保 科技创新

中国植物保护学会青年工作委员会 编



新思路与新理论
新实践与新进展

中国农业科学技术出版社

中国青年植保科技创新

中国植物保护学会青年工作委员会 编



中国农业科学技术出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

中国青年植保科技创新 / 中国植物保护学会青年工作委员会编. —北京: 中国农业科学技术出版社, 2015. 7

ISBN 978 - 7 - 5116 - 2138 - 2

I. ①中… II. ①中… III. ①植物保护 - 中国 - 文集 IV. ①S4 - 53

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2015) 第 127295 号

责任编辑 姚 欢

责任校对 贾海霞

出 版 者 中国农业科学技术出版社

北京市中关村南大街 12 号 邮编: 100081

电 话 (010)82106636(编辑室) (010)82109702(发行部)
(010)82109709(读者服务部)

传 真 (010) 82106631

网 址 <http://www.castp.cn>

经 销 者 各地新华书店

印 刷 者 北京富泰印刷有限责任公司

开 本 787 mm × 1 092 mm 1/16

印 张 21.5

字 数 500 千字

版 次 2015 年 7 月第 1 版 2015 年 7 月第 1 次印刷

定 价 80.00 元

— 版权所有 · 翻印必究 —

前 言

2015 年适逢中国植物保护学会青年工作委员会成立 20 周年。历经 20 年发展,青年工作委员会已逐渐形成自身的优势和特色,汇集了一批年轻力壮、思想活跃、意气风发、开拓创新的青年植保科技工作者,业已成为中国植保学会分支机构中最具创造力的植保科技生力军。

近年来,我国青年植保科技工作者在植保学科的基础、应用基础、应用研究领域取得了一系列的创新科研成果,在农作物病虫草鼠害防控中发挥了重要作用。今年,青年工作委员会以成立 20 周年为楔机,经过精心组织,编制了《中国青年植保科技创新》论文集,其中包括“新思路与新理论”和“新实践与新进展”两个版块。“新思路与新理论”突出介绍植物保护学科某一方向或领域的国际前沿、展望研究动态,阐述学术观点、交流个人见解,体现青年人的活跃思想与卓越思路。“新实践与新进展”重点介绍课题组已发表在有影响力的 SCI 杂志上的系统性创新研究成果,展示青年植保人的创新科研进展。青年工作委员会希望通过论文集的出版,促进国内青年植保科技工作者之间的学习交流、协同合作,扎实推进植保科技创新,努力践行植保科技“顶天立地”,为我国现代农业发展贡献力量。

此论文集的编制过程中,得到了广大植保青年科技工作者的大力支持,陆宴辉、刘文德、董丰收、张礼生、周忠实、李云河、王大伟、肖海军等同志参与了约稿和整理工作,在此一并表示感谢。由于时间紧,编辑工作量大,编委会本着文责自负的原则对作者投文未作修改。错误之处,请读者批评指正!

祝贺中国植物保护学会青年工作委员会二十华诞!

中国植物保护学会青年工作委员会
2015 年 6 月 8 日

目 录

新思路与新理论

蛋白乙酰化修饰与病原菌致病性	宋丽敏 吕斌娜 梁文星(3)
谷氨酸合成酶在稻瘟菌产孢和致病中发挥重要的作用	杨 俊 周 威 彭友良(5)
基于效应基因组学的马铃薯抗晚疫病育种	顾 彪(6)
基于新一代测序技术的小麦抗病基因定位研究策略	徐晓丹 范洁茹 周益林(9)
日本山药花叶病毒在中国的发生及其分子变异	兰平秀 李 凡(13)
水稻抗稻瘟病基础抗性遗传基础及分子机制研究	陈在杰 陈松彪(15)
水稻细条病和白叶枯基因组关联标记数据库的构建及应用	王 毅 冯雯杰 储昭辉,等(19)
系统生物学在研究内生真菌群落中的作用	刘 政(22)
小麦锈病育种的成株抗病(APR)基因	周新力 黄丽丽 王晓杰,等(24)
烟草病原与寄主互作数据库的构建及应用	王 毅 于勇一 杨 龙(26)
应用质谱技术检测农作物病害	陈 卓(29)
植物中 MITE 元件与基因功能	张 娜 周 颖 杨文香,等(31)
Bt 抗性机制的研究进展及展望	肖玉涛(32)
Bt 营养期杀虫蛋白 Vip3 的杀虫机理与作用受体的研究进展	姜 昆 蔡 峻(35)
DNA 分子检测技术在节肢动物食物关系分析中的应用现状及前景	杨 帆 陆宴辉(37)
病虫测报技术创新与发展的几点思考	曾 娟(45)
肠道共生菌调控橘小实蝇抗药性	许益鏊(50)
虫菌共生入侵	鲁 敏 孙江华(51)
大气 CO ₂ 浓度升高对植物—蚜虫互作关系的影响	郭慧娟 孙玉诚(53)
昆虫表皮蛋白与新型杀虫剂创制	徐 鹿(57)
昆虫免疫系统的研究	饶相君(59)
昆虫滞育的研究与害虫综合治理	肖海军 吴月坤 邹 超,等(61)
社会性昆虫的社会免疫	王 磊 曾 玲 陆永跃(63)
外来入侵植物化感作用的验证方法	杨国庆(66)
以神经肽信号传递系统为靶标创制新型昆虫控制剂	蒋红波(68)
植物—害虫—天敌互作机制	魏佳宁(71)
中国昆虫雷达的发展概况与展望	张 智 张云慧 姜玉英,等(73)
寄主植物是寄生杂草菟丝子的第二基因组吗?	姜临建(78)

杂草对草甘膦抗性机制及抗性治理 黄兆峰 陈景超 黄红娟,等(80)

杂草抗性进化机制研究 周凤艳(83)

利用 HIGS 技术提高作物抗病性 郭 维 戴小枫(85)

利用病毒载体研究植物 microRNA 的功能 赵晋平(87)

囊泡病毒的利用前景与生态调控 黄国华(89)

小分子 RNA 对植物免疫受体的调控作用 李 峰(93)

代谢组学在毒理研究中的应用 许明圆 李 莉(95)

害虫抗药性的研究现状与展望 梁 沛(97)

农药残留及其在植物体内的代谢与调控 余向阳(99)

农药复合污染联合毒性风险评估 宋卫国 王 坦 董茂铎(101)

农药环境行为及生物有效性研究新动向 刘新刚(103)

世界农药产品登记及其应用新趋势 张宏军 季 颖(105)

手性农药的立体选择性体外代谢组学研究 朱文涛(107)

我国生物源农药存在的主要问题与关键技术需求 刘泽文 叶永浩 李 俊(110)

液相微萃取技术在农药残留分析中应用与展望 赵尔成(112)

源于天然产物“优势结构”或“药效团”的新农药化学实体的创制
..... 刘映前 吴小兵 成丕乐,等(115)

转基因 *Bt* 作物靶标害虫抗性监测策略 赵 景(117)

转基因抗虫作物的非靶标效应研究 李云河(122)

新实践与新进展

F-box 蛋白 MoGrr1 调控稻瘟病菌生长发育的分子机制 郭 敏(129)

Sec 分泌蛋白转运系统中 SecE 的研究新进展 刘卹洲(131)

不同作物间种对小麦条锈病和白粉病发生流行的影响 曹世勤 骆惠生 金明安,等(134)

蛋白泛素化调控水稻抗病研究新进展 刘文德(140)

稻瘟菌 N 糖基化修饰调控效应蛋白的研究进展 陈小林(141)

稻种 GD9501 抗稻瘟病基因的遗传分析及基因定位 陈 深 汪文娟 苏 菁,等(143)

定西市马铃薯主要真菌性土传病害调查与病原鉴定 陈爱昌 魏周全(145)

泛素蛋白酶体途径在水稻—稻瘟菌互作中的作用机制 宁约瑟 王国梁(148)

禾谷镰刀菌侵染生长调控的分子机理 刘慧泉(150)

核盘菌一种新型激发子活性鉴定 张华建(152)

花椒枯穗病拮抗菌的筛选及抑菌作用初探 赵 赛 李建娜 杨文香,等(154)

基于 RNA 沉默的水稻抗病毒研究进展 吴建国(155)

棉花早衰成因及综合防控技术体系的创建 齐放军(158)

水稻抗稻瘟病基因鉴定与育种策略新进展 王继春(160)

水稻抗纹枯病分子育种新进展 左示敏 潘学彪 陈宗祥,等(162)

水稻条纹病毒对介体灰飞虱后代生活力的影响 李 硕 王世娟 周 彤,等(164)

特特勒中抗水稻黑条矮缩病毒的 QTL 分析 周 彤 杜琳琳 兰 莹,等(166)

我国昆虫病原线虫的资源调查与利用 马 娟 李秀花 王容燕,等(168)

我国小麦白粉病菌群体毒性结构新进展	曾凡松(170)
武夷菌素的生物合成调控机理研究新进展	葛蓓宇(171)
香蕉枯萎病原菌水培致病力测定方法研究新进展	杨腊英(173)
小麦—玉米连作模式下禾谷镰刀菌复合种的相关研究	郝俊杰(175)
小麦赤霉病生防功能菌分离与鉴定	郭楠 张平 闫红飞,等(176)
小麦内生细菌 W-1 的筛选及其对小麦纹枯病菌的抑制作用	张毓妹 李寒冰 毕铭照,等(177)
小麦条锈菌致病机理研究新进展	汤春蕾 王晓杰 康振生(178)
燕麦孢囊线虫在河北冬麦区的种群动态研究新进展	李秀花 马娟 高波,等(180)
应用二倍体小麦建立一种全新的研究禾谷孢囊线虫与寄主互作的病害系统	孔令安 吴独清 崔江宽,等(182)
植物毒素冠菌素致病机理研究进展	耿雪青(184)
ABCC2 变异介导的棉铃虫 Bt 抗性	肖玉涛(186)
CO ₂ 浓度升高环境植物气孔的闭合有助于提高蚜虫的取食效率	孙玉诚(187)
Push-pull 策略在烟粉虱治理中的应用新进展	李耀发 高占林 党志红,等(189)
大气 CO ₂ 浓度升高对西花蓟马影响的研究新进展	钱蕾 桂富荣(191)
稻水象甲中共生细菌的鉴定与功能分析	黄旭 张静宇 黄韵姝,等(193)
稻纵卷叶螟新型生物农药——杆状病毒杀虫剂	韩光杰(195)
扶桑绵粉蚧瓦解寄主植物防御反应的分子机制研究	张蓬军 黄芳 章金明,等(197)
共生菌 Wolbachia 对昆虫 mtDNA 的影响	王宁新(199)
红脂大小蠹肠道细菌参与寄主昆虫信息素合成	徐乐天 鲁敏 孙江华(200)
黄粉甲触角转录组测序及嗅觉相关基因鉴定	刘苏(201)
灰飞虱温度适应性机制研究	王利华 单丹 方继朝(203)
基于非生物因子的小菜蛾种群发育模型研究进展	李振宇 Myron P. Zalucki 胡珍娣,等(205)
基于寄主选择特性的中红侧沟茧蜂扩繁与应用	李建成 张永军 刘小侠,等(207)
基于陷阱的“双圆法”估计地栖节肢动物的种群密度	赵紫华 时培建 欧阳芳,等(209)
昆虫酚氧化酶及其抑制剂研究新进展	薛超彬(211)
昆虫滞育光温调控的研究	肖海军 陈丽媛 陈俊晖,等(213)
绿盲蝽趋花行为及其化学通讯机制	潘洪生(216)
麦双尾蚜入侵研究新进展	张博(218)
棉铃虫互利共生浓核病毒	徐蓬军(220)
棉铃虫视觉基因及趋光行为的研究进展	闫硕 李贞 张青文,等(222)
棉铃虫田间种群 Bt 抗性研究新进展	张浩男(225)
农田景观与昆虫生态服务	欧阳芳 戈峰(227)
农业集约化与麦蚜种群生态调控	赵紫华 贺达汉(231)
农作物害虫性诱监测技术标准化和自动化	曾娟(233)
生态工程控制水稻害虫技术在浙江省的实践	徐红星 郑许松 朱平阳,等(236)
苏云金芽孢杆菌 <i>cry8E</i> 基因转录调控研究进展	杜立新(239)
萜烯挥发物对水稻害虫的防控作用	肖玉涛(241)

蜕皮激素受体在绿盲蝽海藻糖酶合成的功能分析..... 谭永安 肖留斌 孙 洋,等(242)

我国红火蚁疫情点根除体系的构建与应用 陆永跃(244)

西花蓟马种群遗传学的研究 杨现明(248)

烟粉虱传播双生病毒机制研究新进展 王晓伟(249)

烟粉虱与共生菌 *Cardinium* 互作研究进展 褚 栋(250)

中黑盲蝽后胸臭腺转录组测序及其信息素生物合成相关基因的功能分析
..... 罗 静 马伟华 陈利珍,等(252)

朱砂叶螨抗药性研究进展 何 林(254)

EP-1 对高原鼠兔不育效果及行为生态学机制..... 刘 明(256)

EP-1 复合不育剂对雌性东方田鼠繁殖能力的影响..... 周训军 杨玉超 王 勇,等(258)

稻田耳叶水苘的分布、抗药性与适合度代价研究进展 朱金文 刘亚光 周国军,等(260)

红外监测技术和简易 TBS 在林区鼠害调查与控制中的应用.....
..... 陈 坤 施玉华 肖治术,等(262)

环境依赖的甲基化变异推动了 DNA 变异 李 宁 王大伟 宋 英,等(265)

昆虫寄生对森林鼠类扩散种子的影响 张 博 常 罡(267)

两种小家鼠间抗药性的适应性遗传渗入机制研究 宋 英 Michael H. Kohn(269)

内分泌干扰不育剂对害鼠行为生理影响新进展..... 刘全生 秦 姣 苏欠欠,等(271)

鼠类季节性繁殖的神经内分泌调控通路研究新进展 王大伟 刘晓辉(273)

围栏陷阱法对农田害鼠防控及监测应用前景 李全喜 郭永旺 王 登(275)

杂草抗药性研究的最新进展 杨 霞(278)

半闭弯尾姬蜂繁殖影响因子研究进展 陈福寿 张红梅 王 燕,等(280)

丛枝菌根真菌在外来植物入侵过程中的生态学功能..... 金 樑(282)

大卵繁育赤眼蜂技术改进及其在玉米螟生物防治上的大面积推广应用
..... 阮长春 张俊杰 臧连生(283)

枯草芽孢杆菌 NCD-2 菌株防治棉花土传病害的分子机理
..... 郭庆港 李社增 陆秀云,等(284)

丽蚜小蜂规模化繁殖与应用 王玉波(286)

杀虫植物马铃薯花研究进展 余海涛(288)

豚草天敌昆虫广聚萤叶甲的研究新进展 周忠实(289)

芽孢杆菌防治植物病害的研究..... 罗楚平 王晓宇 陈志谊(291)

植物寄生线虫效应蛋白研究进展 彭 焕 彭德良 龙海波,等(293)

1,3-二氯丙烯熏蒸土壤对病虫草害的防效评价 乔 康 王开运(296)

沉积结构对杀虫剂生物效率影响研究进展 徐德进(298)

典型手性三唑类杀菌剂安全评价研究 董丰收 李 晶 李远播,等(301)

广谱识别有机磷农药的核酸适配体研究新进展..... 张存政(303)

几种杀虫剂对水生生物安全性影响半田间试验研究..... 张 勇 周凤艳 沈 艳,等(308)

土槿皮乙酸抑菌活性初步研究 张 静 叶火春 袁恩林,等(310)

小菜蛾对氯虫苯甲酰胺的抗性机制研究进展 李秀霞 郭 磊 梁 沛,等(312)

新型杀菌剂作用靶标群体感应系统的研究进展..... 王蒙岑(314)

生物炭降低 1,3 - 二氯丙烯及氯化苦大气散发效果与机理	王秋霞 曹塀程(318)
Bt 棉田非靶标害虫种群地位演替规律及其生态学机制	陆宴辉(320)
区域尺度的玉米基因飘流模型及在东北地区的应用	胡 凝(322)
实验室研究表明转 <i>Cry1C</i> 和 <i>Cry2A</i> 基因水稻对非靶标节肢动物没有负面影响	李云河(324)
未知转基因生物及其产品检测技术	杨立桃(327)
转 <i>Bt</i> 基因抗虫水稻研究进展	凌 飞 林拥军 陈 浩(329)
转基因产品快速、高通量检测技术开发及应用	杨立桃(332)
转基因植物中 CP4 - EPSPS 蛋白的传感检测新进展	黄 新(334)

新思路与新理论

蛋白乙酰化修饰与病原菌致病性

Lysine Acetylation and Pathogenesis

宋丽敏 吕斌娜 梁文星*

(青岛农业大学农学与植物保护学院, 青岛 266109)

蛋白乙酰化修饰, 包括组蛋白以及非组蛋白的乙酰化修饰, 是一种普遍存在、可逆而且高度调控的蛋白质翻译后修饰方式 (Hu *et al.*, 2010)。乙酰化是乙酰基供体 (如乙酰辅酶 A) 将乙酰基团共价结合到赖氨酸残基上的过程, 是由乙酰基转移酶催化完成的, 去乙酰化酶则能够移除赖氨酸残基上的乙酰基, 这两类酶共同存在, 协同调控生物体内蛋白的乙酰化水平 (Wang *et al.*, 2010)。50 多年前, Philips 在组蛋白上首先发现了乙酰化修饰能够调控基因的转录这一现象 (Phillips, 1963)。如今, 越来越多的证据表明, 乙酰化并不仅仅发生在组蛋白上, 许多非组蛋白也同样存在可逆的赖氨酸乙酰化修饰。蛋白质赖氨酸乙酰化是一种多功能信号调节方式, 它参与了几乎所有的生物学过程, 例如中心代谢、信号转导、DNA 复制和修复、mRNA 剪接、蛋白合成与降解、细胞形态建成以及细胞周期等, 对维持细胞以及生物的功能至关重要 (Zhao *et al.*, 2010)。

蛋白乙酰化在微生物中广泛存在。随着质谱法等赖氨酸乙酰化鉴定技术的提高, 蛋白质乙酰化现象已经在酵母、大肠杆菌、沙门氏菌、枯草芽孢杆菌、链霉菌、结核分枝杆菌以及沼泽红假单胞杆菌等中发现 (Zhang *et al.*, 2013; Liao *et al.*, 2014), 但在植物病原菌中的研究却很少。Cilia 等发现禾谷黄矮病毒 (Cereal Yellow Dwarf Virus) 的外壳蛋白存在乙酰化修饰 (Cilia *et al.*, 2014), 但其功能并不清楚。Rasset 等发现, 青枯雷尔氏菌 (*Ralstonia solanacearum*) 的效应子 PopP2 具有乙酰基转移酶的活性, 其酶活性的丧失会改变病原菌侵染植物的能力 (Tasset *et al.*, 2010)。Lee 等报道, 丁香假单胞杆菌 (*Pseudomonas syringae*) 效应子 HopZ1a 是一种乙酰基转移酶, 对于侵染植物至关重要, 将 HopZ1a 的活性位点突变后, 病原菌破坏拟南芥的微管、阻碍分泌系统以及抑制细胞壁介导的植物抗病性的能力受到很大影响 (Lee *et al.*, 2012)。Wu 等以引起梨火疫病的解淀粉欧文氏菌 (*Erwinia amylovora*) 为研究材料, 鉴定到了 96 个乙酰化的蛋白, 并且发现部分蛋白与病原菌的致病性密切相关 (Wu *et al.*, 2013)。笔者测定了丁香假单胞杆菌的乙酰化蛋白质组, 鉴定到了 300 多个乙酰化的蛋白, 发现一些与致病性以及活性氧调控相关的蛋白存在乙酰化修饰 (未发表)。这些研究结果表明, 蛋白乙酰化修饰在病原菌的致病过程中起重要作用。

通过蛋白质组学的方法测定植物病原菌的乙酰化蛋白质组, 鉴定与病原菌致病性相关的乙酰化蛋白, 有可能发现传统研究方法所不能找到的新基因和新功能, 为研究病原菌

* 通讯作者: E-mail: wliang790625@163.com

的致病性提供新思路。在此基础上设计特异性高、环保、低毒的小分子药物来控制病害的发生,为防治植物病害提供新策略。

参考文献

- Hu LI, Lima BP, Wolfe AJ. 2010. Bacterial protein acetylation: the dawning of a new age. *Mol Microbiol*, 77: 15 – 21.
- Wang Q, Zhang Y, Yang C, Xiong H, Lin Y, Yao J, Li H, Xie L, Zhao W, Yao Y, Ning ZB, Zeng R, Xiong Y, Guan KL, Zhao S and Zhao GP. 2010. Acetylation of metabolic enzymes coordinates carbon source utilization and metabolic flux. *Science*, 327: 1004 – 1007.
- Phillips DM. 1963. The presence of acetyl groups of histones. *Biochem J*, 87: 258 – 263.
- Zhao S, Xu W, Jiang W, Yu W, Lin Y, Zhang T, Yao J, Zhou L, Zeng Y, Li H, Li Y, Shi J, An W, Hancock SM, He F, Qin L, Chin J, Yang P, Chen X, Lei Q, Xiong Y and Guan KL. 2010. Regulation of cellular metabolism by protein lysine acetylation. *Science*, 327: 1000 – 1004.
- Zhang K, Zheng S, Yang JS, Chen Y and Cheng Z. 2013. Comprehensive profiling of protein lysine acetylation in *Escherichia coli*. *J Proteome Res*, 12: 844 – 851.
- Liao G, Xie L, Li X, Cheng Z and Xie J. 2014. Unexpected extensive lysine acetylation in the trump – card antibiotic producer *Streptomyces roseosporus* revealed by proteome – wide profiling. *J Proteomics*, 106: 260 – 269.
- Cilia M, Johnson R, Sweeney M, DeBlasio SL, Bruce JE, MacCoss MJ, Gray SM. 2014. Evidence for lysine acetylation in the coat protein of a poliovirus. *J Gen Virol*, 95: 2321 – 2327.
- Tasset C, Bernoux M, Jauneau A, Pouzet C, Brière C, Kieffer – Jacquinod S, Rivas S, Marco Y and Deslandes L. 2010. Autoacetylation of the *Ralstonia solanacearum* effector PopP2 targets a lysine residue essential for RRS1 – R – mediated immunity in Arabidopsis. *PLoS Pathog* 6: e1001202.
- Lee AH, Hurley B, Felsensteiner C, Yea C, Ckurshumova W, Bartetzko V, Wang PW, Quach V, Lewis JD, Liu YC, Börnke F, Angers S, Wilde A, Guttman DS and Desveaux D. 2012. A bacterial acetyltransferase destroys plant microtubule networks and blocks secretion. *PLoS Pathog* 8: e1002523.
- Wu X, Vellaichamy A, Wang D, Zamdborg L, Kelleher NL, Huber SC and Zhao Y. 2013. Differential lysine acetylation profiles of *Erwinia amylovora* strains revealed by proteomics. *J Proteomics* 79: 60 – 71.

谷氨酸合成酶在稻瘟菌产孢和致病中发挥重要的作用*

Glutamate Synthase MoGlt1 is Required for Conidiation and Full Virulence in *Magnaporthe oryzae*

杨俊** 周威 彭友良

(中国农业大学农学与生物技术学院植物病理系, 北京 100193)

谷氨酸是大多数生物中最为丰富的胞内氨基酸,也是生物体内蛋白质代谢途径中的关键因子。谷氨酸合成酶在谷氨酸生物合成途径中十分重要,但是有关谷氨酸合成酶在植物病原真菌中生物学功能的研究还未见报道。本研究中,我们从水稻稻瘟菌中克隆、鉴定了一个谷氨酸合成酶基因 *MoGLT1*,发现该基因是稻瘟菌致病和产孢所必需的。基因 *MoGLT1* 的插入突变体和敲除体在产孢能力和菌落形态上均表现出明显的缺陷。重要的是,基因 *MoGLT1* 的敲除体对寄主植物水稻和大麦上的致病能力显著地减弱。进一步的分析发现,与野生菌相比,基因 *MoGLT1* 的敲除体在附着胞形成率、附着胞介导的侵入率和侵染菌丝的扩展能力上均表现出明显的下降。此外,基因 *MoGLT1* 敲除体的菌丝中谷氨酸含量明显的降低,且不能在固体最小培养基上生长。重新引入野生型的 *MoGLT1* 基因能够互补基因 *MoGLT1* 敲除体的所有缺陷表型。有意思的是,外源添加谷氨酸也能够使基因 *MoGLT1* 的敲除体在固体最小培养基上的菌落生长、产孢量和植物侵染能力恢复到野生表型。在酵母中,谷氨酸的生物合成也可源于谷氨酰胺、精氨酸、脯氨酸、氨水和 γ -氨基丁酸等化合物,而外源添加这些物质可完全或部分互补基因 *MoGLT1* 敲除体的缺陷表型。综上所述,谷氨酸合成酶在稻瘟菌产孢和致病过程中发挥重要的作用。

参考文献 (略)

* 项目资助:国家自然科学基金(31371885)和科技部973项目(2012CB114000)

** 通讯作者: E-mail: yangj@cau.edu.cn

基于效应基因组学的马铃薯抗晚疫病育种

Use of Effectomics in Disease Resistance Breeding Against Potato Late Blight Pathogen

顾 彪*

(西北农林科技大学植物保护学院, 杨凌 712100)

马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 是仅次于水稻和小麦的第三大粮食作物, 在世界各地广泛种植 (Vleeshouwers *et al.*, 2011)。中国的马铃薯种植面积和产量均居世界首位, 但单位面积产量却低于世界平均水平 (www.faostat.org), 其中一个重要原因是马铃薯晚疫病的普遍发生。种植抗病品种作为防控马铃薯晚疫病最为经济有效的措施一直在全国各地广泛推行。然而, 我国目前的马铃薯主栽品种皆依靠有限的外来品种和品系育成 (金黎平, 2007), 且抗病遗传背景不清晰, 大面积推广遗传背景相对单一的品种势必增加抗病性频繁丧失的风险。

随着我国马铃薯主粮化政策的稳步推进, 预防和减少因晚疫病造成的马铃薯产量损失, 成为马铃薯生产中亟待解决的重要问题。近年来, 随着疫霉菌效应基因组学研究的深入, 尤其是高通量效应基因鉴定及其与抗病基因间特异识别机制研究的开展 (Vleeshouwers *et al.*, 2011; Fry, 2008; Stassen and Van den Ackerveken, 2011), 为发掘和创制抗病基因, 进行高效抗病品种选育以及指导抗病品种合理布局提供了新的契机。

1 马铃薯抗晚疫病基因鉴定和创制

马铃薯晚疫病菌基因组编码一类数量庞大、序列高度分化的 RXLR 效应基因, 已知的马铃薯晚疫病菌无毒基因均属于 RXLR 效应基因家族 (Hass *et al.*, 2009)。因此, 借助高通量植物瞬时表达系统, 依据病菌效应基因和寄主抗病基因特异识别产生的无毒表型 (过敏性坏死反应), 结合遗传分化菌株的致病型分析, 可以高效地从各类育种材料中鉴定和克隆抗病基因 (Vleeshouwers *et al.*, 2011; Vleeshouwers and Oliver, 2014)。目前已报道有 14 个马铃薯抗晚疫病基因及其直系同源基因专一识别晚疫病菌 RXLR 效应基因 (Vleeshouwers *et al.*, 2011; Vleeshouwers and Oliver, 2014), 且发现在马铃薯和大豆中存在能够识别多个 RXLR 效应基因的抗病基因 (Fedkenheuer *et al.*, 2014)。

植物抗病基因大多编码 NBS-LRR 类蛋白, 该类蛋白的亮氨酸富集区对识别病菌无毒蛋白十分关键。所以, 借助这一特点通过外源引入变异, 可创制新型抗病基因 (Cramer *et al.*, 1998), 同时结合 *Avr-R* 基因识别的高通量检测技术, 使得筛选广谱持久的人工抗病基因成为可能。如英国科学家已经创制出新型 *R3a* 抗病基因, 可以同时识别效应基因 *Avr3a* 的毒性等位基因 *Avr3aEM* 和无毒等位基因 *Avr3aKI* (Segretin *et al.*, 2014)。

* 通讯作者: E-mail: bgu@nwafu.edu.cn

2 主栽马铃薯品种抗病基因组成

由于马铃薯抗病育种过程中对抗病基因组成的认识有限,因此育成品种是否对变化的疫霉菌群体保持抗性,其遗传多样性和抗病持久性等都需要准确而有效的评价分析。借助基因对基因的关系,将国内现有的马铃薯主栽品种(品系)的抗病基因组成进行系统分析,保证抗病育种过程中实时追踪抗病基因,避免重复使用相同或同源抗病基因,实现多态性抗病基因聚合或构建人工抗病基因簇。

3 马铃薯抗病品种合理布局

马铃薯晚疫病菌含有的效应基因类型和表达水平直接决定其在马铃薯植株上的致病表型(Cooke *et al.*, 2012)。借助高通量测序技术,实时定量监测晚疫病菌群体效应基因序列与表达模式,可快速鉴定病菌致病型的变异情况。同时,通过检测主栽马铃薯品种中的抗病基因构成,预测病害流行趋势,以便在晚疫病菌发生变异过程中及时、迅速地调整抗病基因布局,从而保证栽培品种对晚疫病的抗病性。

结合致病疫霉菌群体遗传学研究,充分利用效应基因组资源辅助马铃薯抗病育种,从抗病基因快速鉴定和克隆、监测抗病基因组成和变异、指导抗病基因合理布局等方面入手,有望全面提高马铃薯晚疫病的防控水平。

参考文献

- Vleeshouwers VG, Raffaele S, Vossen JH, Champouret N, Oliva R, Segretin ME, Rietman H, Cano LM, Lokosou A, Kessel G, Pel MA, Kamoun S. 2011. Understanding and exploiting late blight resistance in the age of effectors. *Ann Rev Phytopathol*, 49 (1): 507–531.
- 金黎平. 2007. 我国马铃薯育种和品种应用. *农业技术与装备*, 9: 14–15.
- Fry W. 2008. *Phytophthora infestans*: the plant (and *R* gene) destroyer. *Mol Plant Pathol*, 9 (3): 385–402.
- Stassen JHM, Van den Ackerveken G. 2011. How do oomycete effectors interfere with plant life? *Curr Opin Plant Biol*, 14 (4): 407–414.
- Haas BJ, Kamoun S, Zody MC, Jiang RH, Handsaker RE, Cano LM, Grabherr M, Kodira CD, Raffaele S, Torto-Alalibo T, Bozkurt TO, Ah-Fong AM, Alvarado L, Anderson VL, Armstrong MR, Avrova A, Baxter L, Beynon J, Boevink PC, Bollmann SR, Bos JI, Bulone V, Cai G, Cakir C, Carrington JC, Chawner M, Conti L, Costanzo S, Ewan R, Fahlgren N, Fischbach MA, Fugelstad J, Gilroy EM, Gnerre S, Green PJ, Grenville-Briggs LJ, Griffith J, Grünwald NJ, Horn K, Horner NR, Hu CH, Huitema E, Jeong DH, Jones AM, Jones JD, Jones RW, Karlsson EK, Kunjeti SG, Lamour K, Liu Z, Ma L, Maclean D, Chibucos MC, McDonald H, McWalters J, Meijer HJ, Morgan W, Morris PF, Munro CA, O'Neill K, Ospina-Giraldo M, Pinzón A, Pritchard L, Ramsahoye B, Ren Q, Restrepo S, Roy S, Sadanandom A, Savidor A, Schornack S, Schwartz DC, Schumann UD, Schwessinger B, Seyer L, Sharpe T, Silvar C, Song J, Studholme DJ, Sykes S, Thines M, van de Vondervoort PJ, Phuntumart V, Wawra S, Weide R, Win J, Young C, Zhou S, Fry W, Meyers BC, van West P, Ristaino J, Govers F, Birch PR, Whisson SC, Judelson HS, Nusbaum C. 2009. Genome sequence and analysis of the Irish potato famine pathogen *Phytophthora infestans*. *Nature*. 2009, 461 (7262): 393–398.
- Vleeshouwers VG, Oliver RP. 2014. Effectors as tools in disease resistance breeding against biotrophic, hemibiotrophic, and necrotrophic plant pathogens. *Mol Plant Microbe Interact*, 27 (3): 196–206.

- Fedkenheuer K, Fedkenheuer M, Tyler BM, *et al.* 2014. Effector – directed breeding to improve resistance against *Phytophthora sojae* in soybean. Annual Oomycete Molecular Genetics Meeting, Norwich, United Kingdom, July 2 – 4, 2014.
- Cramer A, Raillard S A, Bermudez E, Stemmer WP. 1998. DNA shuffling of a family of genes from diverse species accelerates directed evolution. *Nature*, 391 (6664): 288 – 291.
- Segretin ME, Pais M, Franceschetti M Chaparro – Garcia A, Bos JI, Banfield MJ, Kamoun S. 2014. Single amino acid mutations in the potato immune receptor R3a expand response to *Phytophthora* effectors. *Mol Plant Microbe Interact*, 27 (7): 624 – 37.
- Cooke DE, Cano LM, Raffaele S, Bain RA, Cooke LR, Etherington GJ, Deahl KL, Farrer RA, Gilroy EM, Goss EM, Grünwald NJ, Hein I, MacLean D, McNicol JW, Randall E, Oliva RF, Pel MA, Shaw DS, Squires JN, Taylor MC, Vleeshouwers VG, Birch PR, Lees AK, Kamoun S. 2012. Genome analyses of an aggressive and invasive lineage of the Irish potato famine pathogen. *PLoS Pathog*, 8 (10): e1002940.