

大豆胞囊线虫病的抗性机制研究

周长军

(黑龙江省农业学院 大庆分院,黑龙江 大庆 163316)

摘要:大豆胞囊线虫病是一种危害大豆的重要病害,引起大豆根系发育受阻和群体产量严重下降。为了进一步研究大豆胞囊线虫病的抗性机制,并对其进行有效的防治,综述了大豆胞囊线虫病的生理分化以及大豆胞囊线虫病的抗性基因和分子机制,对大豆胞囊线虫病抗性研究及品种选育进行了展望。

关键词:大豆胞囊线虫;抗性遗传机制;大豆胞囊线虫抗性

中图分类号:S435.651

文献标识码:A

文章编号:1002-2767(2014)02-0139-03

大豆是第四大粮食作物,其种植面积和产量仅次于玉米、水稻和小麦。大豆胞囊线虫病(soybean cyst nematode, SCN, *Heterodera glycines*)又叫黄萎病,俗称火龙秧子,可侵染感病大豆品种根部后导致大豆产量严重降低。全世界每年仅由SCN病害引起的经济损失可达15亿美元^[1]。种植抗病品种是防治SCN最经济有效的方法。近50年来,世界大豆主要依赖于利用抗胞囊线虫大豆品种进行防治大豆胞囊线虫病,抗病品种的选育和利用是防治该病害的核心措施^[2]。目前应用

的SCN抗源材料主要是中国小黑豆Peking以及由小黑豆杂交获得的近等基因系,如在生产上广泛应用的抗线品种抗线4号和抗线11都是Franklin的后代,其抗病基因来源于Peking。因其抗病基因来源单一,由于抗病基因的选择胁迫作用会导致新的生化类型发生改变从而使已有的抗线虫品种不断丧失抗性,因此,研究抗性遗传机制是培育持久抗病品种的前提条件^[3-5]。与此同时,研究其大豆胞囊线虫病抗性遗传机理和分子机制,对抗线虫品种的选育创新具有重要指导意义,而且有利于分子聚合育种及加速抗线虫育种的进程。该文主要对大豆胞囊线虫病的生理分化,大豆胞囊线虫病的抗性基因和分子机制研究进行了综述,以期更有效地防治大豆胞囊线虫病,并提高大豆抗性品种的选育能力。

收稿日期:2013-08-21

作者简介:周长军(1977-),男,黑龙江省富裕县人,硕士,助理研究员,从事大豆抗胞囊线虫育种研究。E-mail: jingsheng6673182@163.com。

[15] 杜艳媚,王琳,李小妮,等.西瓜细菌性果斑病带菌部位检测及种子处理研究[J].广东农业科学,2011(19):121-123.

[16] 牛庆伟,孔秋生,黄远,等.药物浸种处理防治西瓜嫁接苗细菌性果斑病试验[J].南方农业学报,2011,42(5):

500-504.

[17] Fessehaie A R R. Biological control to protect watermelon blossoms and seed from infection by *acidovorax avenae* subsp[J]. *Citrulli phytopathology*, 2005, 95: 413-500.

Research Progress of Bacterial Fruit Blotch of Watermelon

JIA Yun-he, WANG Xi-qing, LI Kun, YOU Hai-bo

(Horticultural Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150069)

Abstract: Bacterial fruit blotch of watermelon is a devastating disease introduced into China in recent years, in order to discover the occurrence and development features and find prevention and control measures of bacterial fruit blotch, symptoms, host range, control measures and some other development of bacterial fruit disease were summarized so as to provide reference for resistant varieties screening and disease preventing.

Key words: watermelon; bacterial fruit blotch; pathogen; control measures

1 大豆胞囊线虫生理分化

大豆胞囊线虫和大多数寄生线虫一样是专性寄生物,存在明显的寄主生理分化现象,根据其针对不同遗传背景的寄主致病性表现出的差异,可将其分为不同的生理小种。大豆胞囊线虫的寄主专化性用“生理小种(Race)”来表示,此概念的首次提出是 Golden 等在 1969 年美国马里兰州的线虫学术会议上,提出用 Pickett、Peking、PI88788 及 PI90763 四个大豆品种作为大豆胞囊线虫生理分化的鉴别寄主,用感病品种 Lee67 作为标准对照^[2]。1991 年对该鉴定方法做了重新详细规范后,一度成为国际上鉴定大豆胞囊线虫生理小种通用的方法和标准。其中我国主要以 3 号、4 号、1 号小种为主^[6]。

Niblack 等人依据 Golden 的小种鉴别系统基础之上,为了区分种内的基因型,建立了一个新的大豆胞囊线虫基因多样性分类系统——HG type 类型,去掉原来的鉴别寄主 Pickett,增加 PI437654、PI209332、PI89772 和 PI548316 四个抗源,共 7 个鉴别寄主,标准感病品种是 Lee74^[7]。很多线虫学家认为 Pickett 的抗病基因来源于 Peking,作为鉴别寄主是不合适的,故而去掉;PI548316 是抗线品种 Cloud,PI437654 是感染 14 号小种的小黑豆材料。

2 大豆胞囊线虫抗性

大豆胞囊线虫通常能够侵入大部分抗感大豆品种根系,建立取食位点,然而,抗性品种在合胞体形成时受到破坏导致大豆胞囊线虫不能完成生活史。组织病理学研究表明,抗性品种会产生过敏性坏死反应。由于寄主遗传背景不同,对胞囊线虫的抗性表现不同,线虫侵入大豆 5~8 d 后合胞体缓慢退化或者快速的过敏性细胞坏死。大豆对大豆胞囊线虫的抗性可以理解为通过表达一些特异性的基因来抑制或调控线虫的生长繁殖。经典遗传学研究分析表明,大豆对胞囊线虫的抗性受多个位点控制的数量性状。

Caldwell 等首次报道了抗性材料北京小黑豆中存在 3 个相互独立的隐性基因,它们能够独立控制来自于北卡罗来纳线虫群体的抗性,分别命名为 *rhg1*、*rhg2* 和 *rhg3*。此后,Peking 中的一个与控制黑种皮的主基因紧密连锁的显性抗性基因被命名为 *rhg4*^[1]。目前,已鉴定出 5 个抗性位

点,分别是 *rhg1*、*rhg2*、*rhg3*、*rhg4* 及 *rhg5*。其中,*rhg1* 和 *rhg4* 是主要的抗性位点,*rhg1* 共编码 855 个氨基酸,包括 N 端的信号肽、LRR 重复区、跨膜结构域和激酶结构域,控制大多数品种对胞囊线虫的抗性,也是选育抗线虫品种的关键^[8-9]。*rhg4* 相似于编码蛋白激酶的基因,在结构上与 *rhg1* 是抗性种质的主要抗性基因^[10]。

3 大豆胞囊线虫抗性分子机制

Mitchum 通过图位克隆定位获得 *rhg4* 的一个基因,丝氨酸羟甲基转移酶 (SHMT)^[11]。*rhg1-b* 基因的大豆 *rhg1* 被广泛用于抗大豆胞囊线虫,基因沉默表明,在一个 31 kb *rhg1*,编码氨基酸转运体,α-SNAP 蛋白和 WI12(伤口诱导域)蛋白,每个基因都起到抗性作用。*rhg1* 的单拷贝不能使植物产生抗性,但具有 10 个此种三基因结构的拷贝的植物在被线虫侵染地块中长势良好^[11]。鉴定这些抗性基因将有助于植物育种家迅速地鉴定抗性植物,加速培育抗线虫的大豆品种。

2012 年,美国 Wisconsin 大学 Cook 教授等在《Science》上发表了大豆胞囊线虫 *rhg1* 抗性基因的相关文章,揭示了大豆对大豆胞囊线虫的抗性机理之一。通过基因沉默发现,*rhg1-b* 位点的 1 个 31 kb 片段编码的 3 种蛋白都与抗性相关。在感病品种中,每个单倍体中的 31 kb 的片段只有一个拷贝,但在抗病品种中同时存在 10 个拷贝。大豆根中单个基因的过量表达不能提高对 SCN 的抗性,但这些基因同时过量表达可以提高对 SCN 的抗性。因此,数量性状位点 *rhg1* 影响的 SCN 抗性可以通过拷贝数变异来获得。这一重大发现为今后利用数量性状选育大豆或其它作物的抗性品种提供了新途径^[12]。

4 问题与展望

种植抗线虫品种是防治大豆胞囊线虫病最直接的措施,研究抗性遗传机制是加快抗线虫育种效率的保证。由于线虫与大豆之间的互作易受环境条件影响,侵染的不均匀性以及线虫自身的生活周期导致大豆胞囊线虫的抗性遗传较难研究^[13-15]。大豆对胞囊线虫的抗性受多个基因控制。但由于抗性鉴定工作量大、易受环境因素影响以及大豆胞囊线虫群体本身的异质性,研究者的结果大都差异很大,具有抗源和组合特异性。

有关大豆胞囊线虫的控制可以采用天然的 *R* 基因策略,单个的 *R* 基因能够对一种病原或多种病原株系完全产生抗性,但是几乎所有的抗性基因转入到植物中会面临许多问题,抗性表达往往不够理想或者会表现出生长受抑制等不良反应^[16-17]。抗性基因的抗性表达可能与许多因素有关,如启动子的选择是否恰当,供体与受体之间在亲缘关系和遗传背景上的差异性,以及转化植株的一些等位基因状况等。

目前,通过图位克隆和转座子标签法从不同植物上克隆获得了一些天然的抗线虫基因。随着大豆胞囊线虫抗性基因克隆、蛋白质组学和分子机制的深入研究^[18],将会缩短育种周期,加快品种选育,对大豆胞囊线虫的防控具有重要的意义。

参考文献:

- [1] 段玉玺,陈立杰. 植物线虫学[M]. 北京:科学出版社,2011: 3-5.
- [2] 刘维志. 植物病原线虫学[M]. 北京:中国农业出版社, 2000:14-16.
- [3] Ross J P, Brim C A. Resistance of soybeans to the soybean cyst nematode as determined by a double-row method[J]. Plant Dis. Rep., 1957, 41: 923-924.
- [4] Mitram, Liu W S. Gene expression profiling of resistant and susceptible soybean lines infected with soybean cyst nematode[J]. Theor Appl Genet, 2011, 123: 1193-1206.
- [5] Lu P, Shannon J G, Sleper D A. Genetics of cyst nematode resistance in soybean PI467312 and PI507354[J]. Euphytica, 2006, 149: 259-265.
- [6] Riggs R D. Race of soybean cyst nematode in People's Republic of China[J]. Journal of Nematology, 1985, 17(4): 511.
- [7] Niblack T L, Arelli P R, Noel G R. A revised classification scheme for genetically diverse populations of *Heterodera glycines*[J]. Journal of Nematology, 2002, 34(4): 279-288.
- [8] 魏利,李英慧,邱丽娟. 大豆胞囊线虫(SCN)抗病候选基因研究进展[J]. 大豆科学, 2010, 29(6): 1059-1064.
- [9] Melito, S, Heuberger A L, Cook D, et al. A nematode demographics assay in transgenic roots reveals no significant impacts of the *Rhg1* locus LRR-Kinase on soybean cyst nematode resistance[J]. BMC Plant Biol, 2010, 10: 104.
- [10] Liu xiao hong, Liu shi ming, Jamai A, et al. Soybean cyst nematode resistance in soybean is independent of the *Rhg4* locus LRR-RLK gene[J]. Func. Integr. Gen., 2011, 11: 539-549.
- [11] Liu S, Kandath P K, Warren S D, et al. A soybean cyst nematode resistance gene points to a new mechanism of plant resistance to pathogens[J]. Nature, 2012, 492: 256-260.
- [12] Cook D E, Lee T G, Guo X, et al. Copy number variation of multiple genes at *rhg1* mediates nematode resistance in soybean[J]. Science, 2012, 338: 1206-1209.
- [13] 卢为国,盖钧镒. 大豆对胞囊线虫抗性遗传与分子标记研究进展[J]. 大豆科学, 2004(23): 59-65.
- [14] 吕蓓. 大豆胞囊线虫与寄主植物的相互关系及抗性基因克隆策略[J]. 分子植物育种, 2003(1): 116-121.
- [15] 吴海燕,远方,陈立杰,等. 大豆胞囊线虫病与大豆抗胞囊线虫机制的研究[J]. 大豆科学, 2001, 20(4): 285-289.
- [16] 叶德友,陈劲枫. 植物抗线虫基因与抗性机理研究进展[J]. 植物保护, 2012, 38(2): 4-11.
- [17] 吴海燕. 大豆与大豆胞囊线虫相互关系研究[D]. 沈阳:沈阳农业大学, 2003: 3-6.
- [18] 王雪. 大豆抗胞囊线虫机制及与抗性相关的差异蛋白质组学研究[D]. 沈阳:沈阳农业大学, 2009: 2-7.

Research on Genetic Mechanisms of Soybean Cyst Nematode Resistance

ZHOU Chang-jun

(Daqing Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Daqing, Heilongjiang 163316)

Abstract: Soybean cyst nematode is a major disease affecting yield and quality of soybean crops and causing serious decline of soybean roots. In order to further study the resistance mechanism of soybean cyst nematode and make a effective prevention and control, the differentiation of physiological races, resistance gene, and molecular characterization of soybean resistance to soybean cyst nematode were reviewed, and soybean cyst nematode resistance and breeding productive cultivars were prospected.

Key words: soybean cyst nematode; genetic mechanism; resistance