



小麦抗病关键生物技术研究获突破

文章来源：遗传与发育生物学研究所 微生物研究所

发布时间：2014-07-21

【字号：小 中 大】

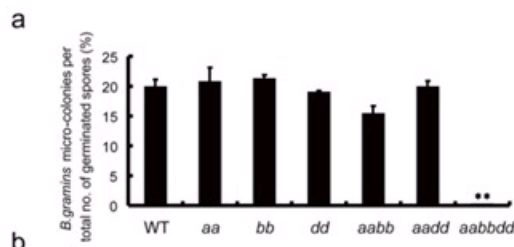
普通小麦 (*Triticum aestivum* L., $2n = 42$, AABBDD) 是世界上最重要的粮食作物之一，为人类提供约20%的能量。普通小麦是异源六倍体，基因组庞大 (17,000Mb, 约是人类基因组的5倍) 且含有高达80%–90%的重复序列，因此，针对小麦的基因功能研究及遗传育种都非常困难。传统突变育种方法，如EMS诱变、物理辐射等手段，突变的随机性较大、效率较低，很难在六倍体的小麦里获得多个拷贝基因同时突变的植株，从而不能获得所需的农艺性状。因此，需要快速、准确度高的方法来提高小麦的育种速度以满足人类对小麦产量不断增长的需求。

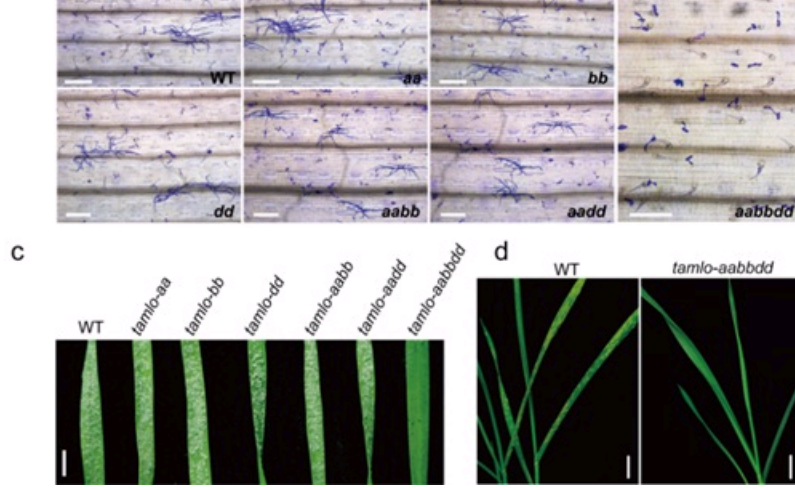
白粉病是小麦的主要病害之一，严重影响到小麦的产量和品质，培育出对白粉病具有持久、广谱、高抗特性的小麦抗病品种一直是育种上的重大挑战。在与小麦亲缘关系较近的大麦中，已知MLO基因的功能缺失突变使其对白粉病产生广谱和持久的抗性。这种抗性在生产上已成功应用了三十多年还没有被打破。但是，由于小麦和大麦之间存在生殖隔离，难以进行杂交育种，大麦的这种优良性状不能直接为小麦所用。在小麦A、B、D基因组上MLO基因各有一个拷贝 (TaMLO-A1, TaMLO-B1, TaMLO-D1)，对小麦MLO等位基因的缺失突变有望产生广谱抗白粉病的品种。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞课题组和微生物研究所邱金龙课题组紧密合作，利用最新的基因组编辑技术，首次在六倍体小麦中对MLO基因的三个拷贝同时进行了突变，获得了对白粉病具有广谱抗性的小麦材料。该研究利用TALEN和CRISPR/Cas9基因组编辑技术实现了对小麦MLO基因的定向突变，且诱导的突变在小麦里可以稳定遗传到后代，并符合孟德尔遗传规律。突变体材料经过一代或两代自交，获得了MLO基因不同组合的纯合突变体 (*tamlo-aa*, *tamlo-bb*, *tamlo-dd*, *tamlo-aabb*, *tamlo-aadd*, *tamlo-bbdd*, *tamlo-aabdd*)。通过小麦白粉菌接种实验，发现只有小麦A、B和D基因组上三个MLO基因拷贝同时突变的纯合突变体 *tamlo-aabdd* 表现出对白粉菌极为显著的广谱抗性 (如图)。该结果表明小麦MLO基因的三个拷贝在功能上存在冗余，这也可能是到目前为止在自然条件下或利用传统育种手段而没有获得小麦 *ml o* 抗病材料的主要原因。此外，该研究还利用基因组编辑技术在小麦里实现了基因的定点插入，插入的片段可以稳定遗传，这可用于创制不能由简单基因敲除而产生的优良遗传特性。

该研究第一次在一个多倍体物种中证明可以对多个部分同源的基因同时并准确地进行编辑，同时展示了通过基因组编辑可以实现不同物种的育种信息资源共享。此外，创制的小麦 *ml o* 突变体具有持久、广谱抗白粉病的优点，也将为小麦白粉病的抗病育种提供重要的起始材料。该工作为小麦基因功能的研究以及育种新材料或品种的创制提供了一个全新的思路和技术路线。研究结果于2014年7月20日在线发表在生物技术领域权威期刊《自然-生物技术》 (*Nature Biotechnology*) 杂志上。*Nature Biotechnology* 将专门配发“News and Views”，对该研究及相关领域的进展进行全面评述。遗传发育所高彩霞组博士生王延鹏和微生物所邱金龙组博士生程曦为该文章的共同第一作者。这是双方的合作研究成果近一年来第二次发表于 *Nature Biotechnology*。该研究得到了中国科学院重点部署项目、中国科学院战略性先导科技专项 (B类)、科技部以及国家自然科学基金的资助。

文章链接





*TaMLO*基因功能缺失使小麦表现对白粉病极为显著的抗性

打印本页

关闭本页