

科研进展

[新闻头条](#)

[要闻](#)

[科研进展](#)

[学术活动](#)

[工作动态](#)

[科普知识](#)

[党群园地](#)

[媒体聚焦](#)

[通知公告](#)

[招生招聘](#)

服务专区

[OA系统](#)

[农科院邮箱](#)

科研进展

当前位置: [首页](#)» [科研进展](#)

植保所开发出麦瘟病田间快速检测新方法

文章来源: 植物抗病功能基因组 作者: 康厚祥 点击数: 870 次 发布时间: 2020-11-06

近日, 中国农业科学院植物保护研究所作物有害生物功能基因组研究创新团队与俄亥俄州立大学、孟加拉国谢赫穆吉布拉赫曼农业大学、巴西圣卡洛斯联邦大学和美国农业部合作开发出一种检测田间麦瘟病发生的新方法, 该方法不依赖实验室PCR仪等笨重设备, 实现了麦瘟病的田间快速核酸检测。通过与巴西、孟加拉国等合作单位对早期侵染材料进行检测发现, 该方法比传统的PCR检测灵敏度更高。相关研究成果在线发表在《工程院院刊 (Engineering) 》上。

1985年, 麦瘟病首次在南美洲爆发, 该病发生严重时可造成高达100%的小麦产量损失。麦瘟病病原为稻瘟菌 (Magnaporthe oryzae) 的小麦致病型, 也称麦瘟菌。麦瘟菌菌丝、孢子的外观形态与水稻稻瘟菌完全一致, 两者基因组DNA序列整体一致性也超过99%。然而, 麦瘟菌对小麦的整体侵染能力比水稻稻瘟菌对水稻的侵染能力更强, 且麦瘟菌广泛对啞菌酯、醚菌酯等Qol类杀菌剂具有较强的抗/耐药性。目前研究发现, 小麦种质资源中只有2N片段、Rmg2、Rmg3、Rmg7和Rmg8等少数抗病区段和基因, 除Rmg8外, 其余抗病基因的抗性均已被麦瘟菌克服或对穗颈瘟无效。麦瘟病于2016年进入南亚孟加拉国并爆发, 给当地小麦生产造成毁灭性打击。此外, 2017年, 麦瘟菌进入非洲赞比亚并于局部爆发, 发病田块穗颈瘟率高达50%-100%, 给非洲小麦生产安全也带来了严重威胁。麦瘟病进入亚洲、非洲大陆后, 其菌丝或孢子随气流、种子等媒介进入我国的风险进一步增加。因此, 开发出准确的麦瘟菌检测技术对准确监测预警、及时阻断其可能的入侵具有重要意义。

该团队与巴西合作, 从田间分离出麦瘟菌并对其中两个菌株进行了全基因组测序和序列分析; 通过与已公布的大量稻瘟基因组进行比较基因组学分析并找出了麦瘟菌特异的DNA序列; 结合RPA、Cas12a、NALFIA等技术开发出了田间快速检测方法并在孟加拉国进行测试。传统PCR核酸检测方法在麦瘟菌侵染后第4天才能被检测到, 而本方法在侵染后第2天便能准确检测到麦瘟侵染, 表现出更高的灵敏度。同时, 本方法还能明确区分种内不同致病型, 表现出较高的准确性和特异性。

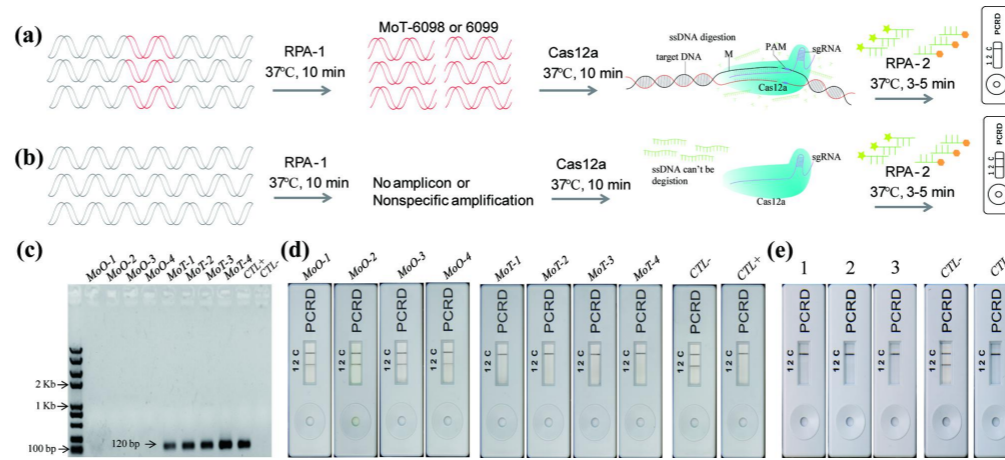
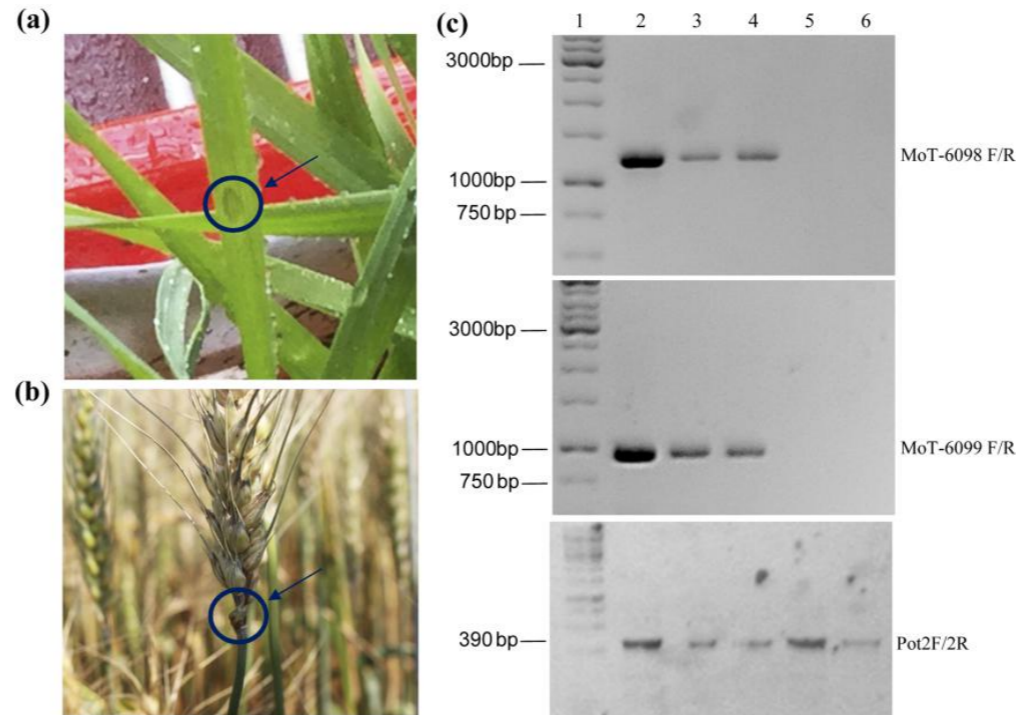
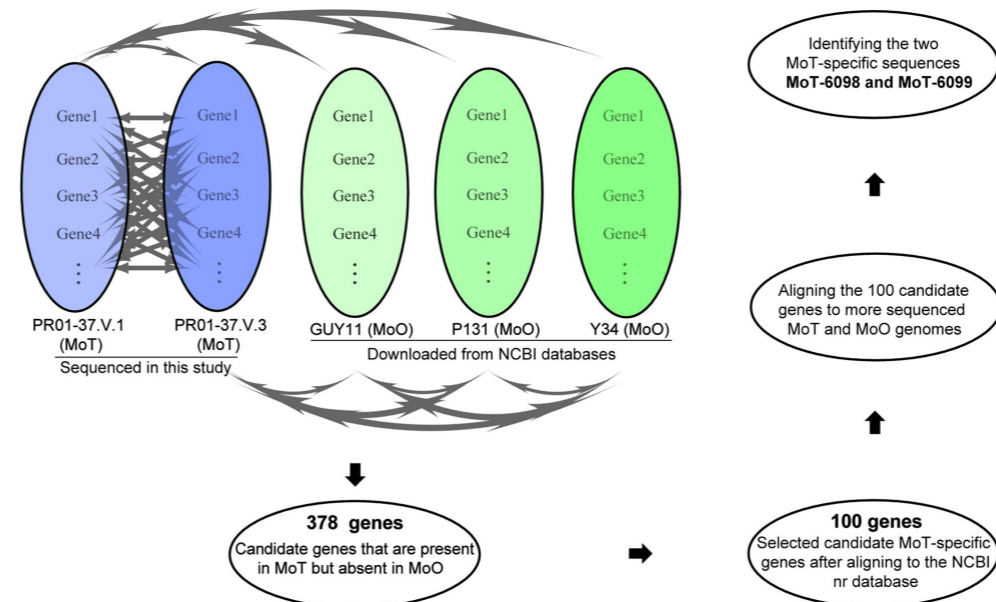
该研究得到中国农科院科技创新工程等资助。

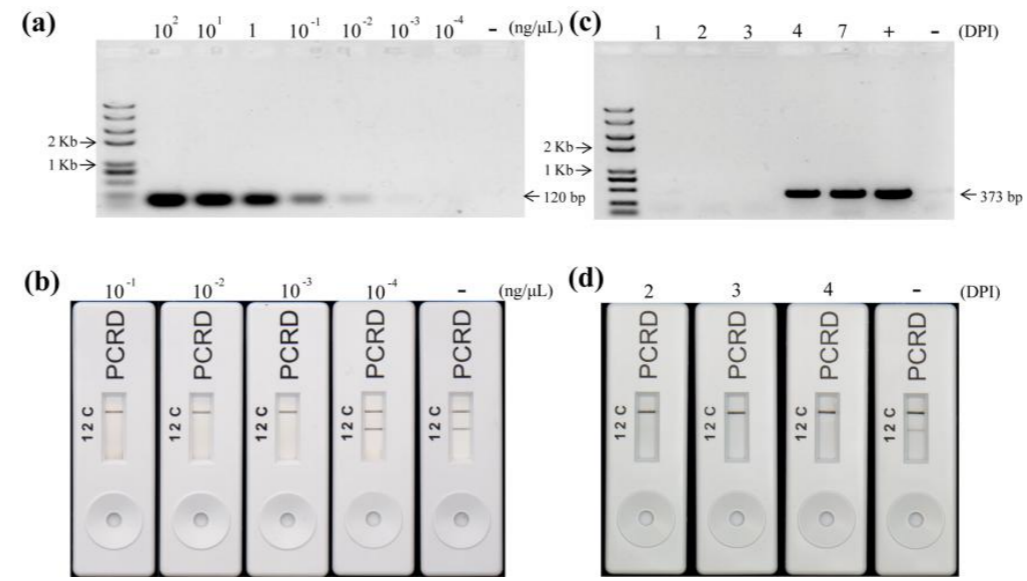
原文链接: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S209580992030240X>。

植保所邮箱

科研信息平台

物资采购平台





[打印页面](#)

[关闭页面](#)

[网站地图](#)

[设为首页](#)

[加入收藏](#)

[联系我们](#)

地址：北京市海淀区圆明园西路2号南2门

邮编：100193

中国农业科学院植物保护研究所版权所有

Powered by 中国农业科学院 (京ICP备09089781号-13)

京公网安备 11010802025499 号

技术支持：中国农业科学院农业信息研究所

