

普通小麦-大赖草染色体相互易位系 T7DS·5LrL/ T5LrS·7DL 的分子细胞遗传学研究

王林生^{①②*}, 陈佩度^{②*}, 王秀娥^②

① 河南科技大学农学院, 洛阳 471003;

② 南京农业大学作物遗传改良与种质创新国家重点实验室, 细胞遗传研究所, 南京 210095

* 联系人, E-mail: wanglinsheng1234@sohu.com; pdchen@njau.edu.cn

2009-07-02 收稿, 2009-11-02 接受

国家高技术研究发展计划(编号: 2006AA10Z1F6)和高等学校创新引智计划(批准号: B08025)资助项目

摘要 利用 800R 剂量 $^{60}\text{Co}-\gamma$ 射线处理处于减数分裂期的普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 的大孢子母细胞, 开花前去雄套袋, 授予普通小麦“中国春”的花粉。对 M_1 种子根尖细胞有丝分裂中期染色体进行 GISH 分析, 得到 1 株含有 2 条分别涉及 5Lr 长臂和短臂的易位染色体植株。将其与二体附加系 DA5Lr 测交, 对测交后代中含有 1 条 5Lr 和 2 条易位染色体植株的花粉母细胞减数分裂行为进行分析, 在双线期观察到 2 条易位染色体和 1 条 5Lr 及 1 条小麦染色体联会成“十”字形构型, 中期 I 形成“Z”字形或环状四价体, 表明这 2 条易位染色体为相互易位染色体。染色体 C 分带结果显示, 易位涉及的小麦染色体可能为 A 组或 D 组染色体, 用 pSc119.2 和 pAs1 专化探针分别与其进行染色体荧光原位杂交, 易位染色体中的小麦染色体片段上显示出较强的 pAs1(对 D 染色体组专化)杂交信号, 根据 pAs1 标准染色体分子核型, 结合 C 分带结果, 易位涉及的小麦染色体为 7D, 相互易位染色体为 T7DS·5LrL/T5LrS·7DL。该相互易位杂合体的配子传递分析表明, 2 条相互易位染色体常常一起传递, 通过雌、雄配子的传递率分别为 59.4% 和 83.9%, 表现出花粉优先传递特征。在相互易位杂合体自交后代中, 除分离鉴定出相互易位纯合系之外, 还获得纯合易位系 T7DS·5LrL, 该易位系对赤霉病有较好抗性, 为小麦赤霉病抗性改良提供了一种新种质。

关键词

普通小麦

大赖草

染色体相互易位

大孢子母细胞

电离辐射

通过创造染色体易位向普通小麦导入外源有益基因已成为拓宽小麦遗传基础的有效途径^[1-6]。大赖草(*Leymus racemosus*, 2n=4X=28)为小麦的近缘物种, 具有抗旱、抗寒、抗盐碱、抗 3 种锈病及大穗、大粒等多种优良性状^[7,8], 尤其是高抗小麦赤霉病^[9], 它是一种不同于苏麦 3 号的新赤霉病抗源^[10]。向普通小麦导入大赖草有益基因, 创造新的种质资源, 对小麦遗传改良具有重要意义。南京农业大学细胞遗传研究所已培育出 3 个高抗赤霉病的附加系 DALr2(即 DA7Lr)、DALr7 和 DALr14(即 DA5Lr)^[11], 并在此基

础上选育出了高抗赤霉病的端二体附加系 95G11^[12]和端二体代换系 7Lr#1S (7A)^[13], 选育出多个抗赤霉病的易位系^[14-17], 为小麦赤霉病抗性改良提供了重要资源。但对普通小麦-大赖草相互易位异染色体系的研究尚未见报道。

我们在用 $^{60}\text{Co}-\gamma$ 射线处理减数分裂期的普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 的大孢子母细胞诱导普通小麦-大赖草染色体易位的研究中, 得到 1 株普通小麦-大赖草染色体相互易位。本文将报道该相互易位系的诱导和分子细胞遗传学鉴定, 并对其减数分

英文版见: Wang L S, Chen P D, Wang X E. Molecular cytogenetic analysis of *Triticum aestivum-Leymus racemosus* reciprocal chromosomal translocation T7DS·5LrL/T5LrS·7DL. Chinese Sci Bull, 2010, 55: 1026—1031, doi: 10.1007/s11434-010-0105-7

裂行为、配子传递及其在遗传研究和小麦改良中的应用进行分析和讨论。

1 材料与方法

(i) 植物材料。普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 由南京农业大学细胞遗传研究所培育和保存, 普通小麦中国春(CS)也由该所保存。

(ii) 辐射处理。用⁶⁰Co-γ射线处理处于减数分裂期的普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 的大孢子母细胞, 辐射剂量 800 R, 剂量率 100 R/min. 对辐射过的 DA5Lr 植株于开花前去雄套袋, 然后授予普通小麦中国春的花粉. 辐射处理在江苏省农业科学院原子能利用研究所进行。

(iii) 细胞学分析。染色体 C-分带参照 Gill 等人^[18]的方法. 花粉母细胞制片参照 Chen 等人^[19]的方法. 以荧光素(fluorescein-12-dUTP 或 CyTm3dUTP)标记的大赖草基因组 DNA 或 pSc119.2 和 pAs1 的质粒 DNA 为探针进行荧光原位杂交, 探针标记采用缺刻平移法, 杂交程序参照 Zhang 等人^[20]的方法. 用绿色荧光素标记探针的杂交片, 用碘化丙啶(propidium iodide, PI)染色显示背景, 用红色荧光素标记探针(或双色原位杂交)的杂交片, 用 DAPI (4',6-diamidino-2-phenylindole)套染. 用 Vectashield 胶黏合盖片. 杂交信号在 BX60 荧光显微镜激发光(450~490 nm)下观察, GISH 图像通过 SPOT CCD (charge coupled device)获取。

2 结果与分析

2.1 相互易位异染色体系的诱导及其减数分裂行为

用⁶⁰Co-γ射线处理处于减数分裂期的普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 的大孢子母细胞, 于开花前去雄套袋, 授予普通小麦中国春的花粉, M₁获得了 92 粒种子, 其中 79 粒发芽成苗. 经 GISH 分析, 发现 1 株编号为 WLS6-7 的植株($2n=43$)含有 2 条异易位染色体, 且分别涉及 5Lr 染色体的长臂和短臂(图 1(a)). 根据其易位断点及易位片段大小, 初步推测这 2 条易位染色体可能是由小麦与大赖草染色体之间发生了相互易位产生的.

为验证 WLS6-7 植株中的 2 条易位染色体是否为相互易位染色体, 用其作母本与二体附加系 DA5Lr 杂交, 对含有 1 条 5Lr 和 2 条易位染色体的 F₁植株(图 1(b))在减数分裂期观察其减数分裂行为. 发现该株中的 2 条易位染色体、1 条大赖草染色体和 1 条小麦染色体在减数分裂双线期联会成“十”字形(图 2(a)), 在中期 I 形成“Z”字形(图 2(b))或环状的四价体(图 2(c)), 这是典型的相互易位杂合体染色体联会特征, 表明该株中的 2 条易位染色体是小麦与大赖草染色体间的相互易位染色体.

2.2 相互易位染色体系的分子细胞遗传学鉴定

对具有相互易位染色体植株根尖细胞有丝分裂中期染色体进行 C 分带和原位杂交分析, GISH 结果

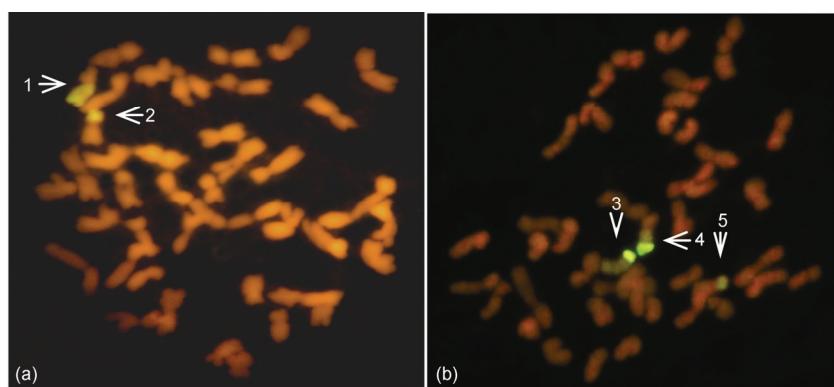


图 1 WLS6-7 ($2n=43$) (a) 及 ($WLS6-7 \times DA5Lr$) F_1 ($2n=44$) (b) 植株根尖细胞有丝分裂中期染色体的 GISH
1, 2, 4, 5 示 2 条易位染色体, 3 示 5Lr 染色体

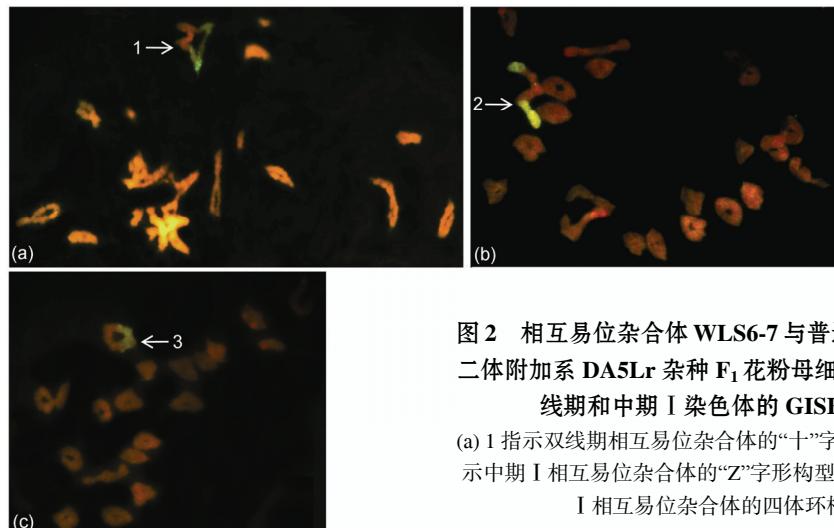


图 2 相互易位杂合体 WLS6-7 与普通小麦-大赖草二体附加系 DA5Lr 杂种 F₁ 花粉母细胞减数分裂双线期和中期 I 染色体的 GISH 分析
(a) 1 指示双线期相互易位杂合体的“十”字形联会; (b) 2 指示中期 I 相互易位杂合体的“Z”字形构型; (c) 3 指示中期 I 相互易位杂合体的四体环构型

显示, 易位断点位于着丝粒处, 为整臂相互易位。易位涉及的小麦染色体 C 带带型并不丰富, 且着丝粒处无明显的带纹(在短臂上有分布较均匀的 3 条带, 长臂端部有较强的端带, 亚端部有弱带)(图 3), 而小麦 B 组染色体带纹丰富, 尤其是着丝粒处带很强, 因此, 该小麦染色体不可能是 B 组染色体。用 A 组专化探针 BAC-676D4 与其杂交, 易位染色体小麦臂上无杂交信号, 用 D 组专化探针 pAs1 与之杂交, 两个易位染色体的小麦臂上均表现较强的杂交信号, 说明易位涉及的小麦染色体为 D 组染色体。探针 pSc119.2 除了与小麦 B 组染色体杂交有强的杂交信号外, 在 4A, 5A, 2D, 3D, 4D 和 5D 染色体端部也有明显的杂交位点。从图 4(a)可以看出, 涉及易位的小麦染色体片段上并没有 pSc119.2 杂交信号, 因此, 涉及易位的小麦染色体不可能是 2D, 3D, 4D 和 5D, 而有可能是 D 组染色体的 1D, 6D 和 7D。对 WSL6-7 自交后代中选出的相互易位纯合体有丝分裂中期染色体用 D 染

色体组专化探针 pAs1 进行荧光原位杂交, 易位染色体中的小麦染色体长臂和短臂的端部均有很强的 pAs1 杂交信号, 两臂的亚端部也有清晰的杂交信号(图 4(b)), 与 7D 染色体的 pAs1 位点相吻合^[21], 结合 C 分带带型, 确定相互易位染色体涉及的小麦染色体为 7D, 相互易位染色体为 T7DS·5LrL/T5LrS·7DL。

2.3 相互易位染色体的传递

用相互易位杂合体 WLS6-7 分别作父、母本与中国春杂交, 对杂交后代进行根尖细胞有丝分裂中期染色体 GISH 分析, 根据 F₁ 的染色体组成, 推断相互易位杂合体所产生的雌、雄配子的染色体组成。用相互易位杂合体作母本, 产生 4 种类型的雌配子, 即含有 T7DS·5LrL+T5LrS·7DL, T7DS·5LrL, T5LrS·7DL 和不含外源易位染色体的配子, 其传递率分别为 59.4%, 9.4%, 3.1% 和 28.1%。用相互易位杂合体作父本与中国春杂交, 在杂交后代中分别有 83.9% 和 16.1% 植株含有 T7DS·5LrL+T5LrS·7DL 和 T7DS·5LrL(表 1), 没有出现 T5LrS·7DL 和不含外源易位染色体的类型。即含有 T7DS·5LrL+T5LrS·7DL 和 T7DS·5LrL 易位染色体的雄配子的传递率分别为 83.9% 和 16.1%。该结果表明相互易位染色体通过雌雄配子的传递率都远高于其理论值, 此类配子在生殖过程中具有较强的竞争性, 明显表现在花粉优先传递特征。易位杂合体自交后代出现 7 种染色体组成的植株, 即 T7DS·5LrL'+T5LrS·7DL', T7DS·5LrL"+T5LrS·7DL(图 4(b)), T7DS·5LrL"+T5LrS·7DL', T7DS·5LrL'+T5LrS·7DL", T7DS·5LrL", T7DS·5LrL' 和不含外源易位染色体的植株,

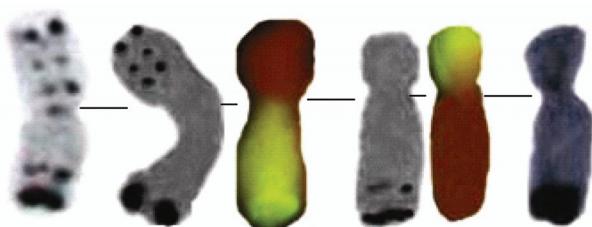


图 3 相互易位染色体 T7DS·5LrL/T5LrS·7DL 的 C-分带及 GISH
从左至右: C-分带后的 7D, C-分带后的 T7DS·5LrL, 原位杂交后的 T7DS·5LrL, C-分带后的 T5LrS·7DL, 原位杂交后的 T5LrS·7DL, C-分带后的 5Lr

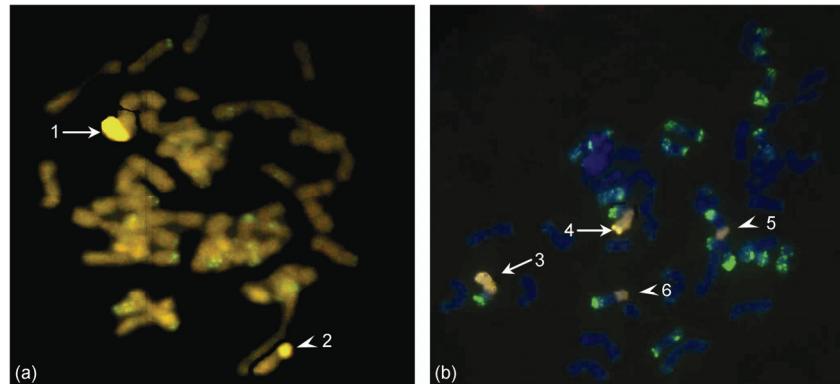


图4 相互易位植株根尖细胞有丝分裂中期的双色荧光原位杂交

(a) WLS6-7 杂合体, 以 Fluorescein-12-dUTP 标记的 pSc119.2(绿色)和 CyTm3dUTP 标记的大赖草基因组 DNA(桔黄色)作探针, 在易位染色体的小麦片段上没有 pSc119.2 杂交信号; (b) T7DS-5LrL'+T5LrS-7DL' 纯合体, 以 Fluorescein-12-dUTP 标记的 pAs1(绿色)和 CyTm3dUTP 标记的大赖草基因组 DNA(桔黄色)作探针, 在易位染色体的小麦片段上有 pAs1 的绿色杂交信号. 1, 3, 4 示 T7DS-5LrL, 2, 5, 6 示 T5LrS-7DL

表1 易位杂合体的配子传递

材料	传递方式	调查株数	后代比例(%)			
			T7DS-5LrL + T5LrS-7DL	T7DS-5LrL	T5LrS-7DL	不含外源易位
WLS6-7×CS	雌配子	32	59.4	9.4	3.1	28.1
CS×WLS6-7	雄配子	31	83.9	16.1	0	0

前两种类型约占 70%.

3 讨论

电离辐射被广泛用于外源遗传物质向普通小麦的转移. 自 Sears^[22]首次利用 X-射线诱导获得普通小麦-小伞山羊草抗叶锈病易位系以来, 通过电离辐射已获得了涉及普通小麦与山羊草属(*Aegielops*)、簇毛麦属(*Haynaldia*)、冰草属(*Agropyron*)、黑麦属(*Secale*)、赖草属(*Leymus*)等近缘种属间的染色体易位^[6,14~17], 是所有诱发染色体易位技术中应用最广泛的一种方法. 电离辐射方法简单, 而且染色体随机发生断裂, 不受与小麦亲缘关系远近以及目标基因位点距着丝粒远近的影响, 因而是诱发种属间染色体易位非常有效的方法.

在电离辐射诱发外源染色体易位的研究中, 大多数研究者采用种子^[19]、减数分裂期植株^[14]、即将成熟或成熟的花粉^[23~25]和成熟的雌配子^[26]为辐射材料. 本研究采用 ⁶⁰Co γ -射线辐射处理减数分裂期普通小麦-大赖草异附加系大孢子母细胞, 诱导普通小麦-大赖草染色体结构变异, 辐射处理植株与中国春的杂交结实率达 24.8%, 92 粒种子有 79 株发芽, 发芽率达 85.9%. 在 79 粒 M₁ 代中, 经染色体 C 分带和分

子原位杂交检测, 发现有 12 株涉及大赖草 5Lr 染色体的结构变异, 包括 6 株易位和 6 株端体. 辐射获得的易位植株(M₁)自交结实性也较好, 除 1 株易位得到 17 粒种子外其余 5 株均结实超过 200 粒种子, 其中编号为 WLS6-4 植株自交获得了 1300 粒种子, 这为进一步从 F₂ 中选择纯合易位系提供了足够大的群体, 表明采用 800R 剂量辐射较适宜. 本研究也采用了 1200R 剂量处理减数分裂期普通小麦-大赖草异附加系植株, 结果发现处理过的植株大多不能正常抽穗, 即使抽穗, 杂交结实率也较低, 所得 M₁ 种子, 有的长根不长芽, 有的长芽不长根, 成活的植株也很少有异源易位, 说明该剂量对植株损害太大.

本研究获得的相互易位异染色体系 T7DS-5LrL/T5LrS-7DL 是涉及小麦 7D 和大赖草 5Lr 两条染色体的整臂相互易位. 该易位杂合体在中期 I 的联会方式主要有 3 种: 第一种为 7D 与 2 条易位染色体联会成 3 价体, 这种联会是主要方式; 第二种为 7D 与 7DS-5LrL 联会成 2 价体而 5LrS-7DL 以单价体形式存在; 第三种为 7D 与 5LrS-7DL 联会成 2 价体而 7DS-5LrL 以单价体形式存在. 后期 I 的分离方式主要以 2/1 式的非均衡分离为主, 且以 T7DS-5LrL 和 T5LrS-7DL 二者相伴到达一极而 7D 染色体到达相反

的一极为主, 这与别同德等人^[27]的研究结果一致, 因而产生的 T7DS·5LrL+T5LrS·7DL 和不含外源易位染色体雌配子占绝对优势。对其配子传递分析发现, 染色体相互易位杂合体植株产生 T7DS·5LrL+T5LrS·7DL, T7DS·5LrL, T5LrS·7DL 和不含外源易位染色体 4 种雌配子, T7DS·5LrL+T5LrS·7DL 雌配子的传递率为 59.4%, 不含外源易位染色体雌配子的传递率为 28.1%, 二者比例之和占 87.5%。从理论上讲, T7DS·5LrL+T5LrS·7DL 和不含外源易位染色体雌配子比例应该相同, 但在与普通小麦的回交后代中, 含有 2 条相互易位染色体的植株比不含外源易位染色体的植株要多得多, 可见含有相互易位染色体的雌配子表现出一定程度的优先传递。以相互易位异染色体系作父本, 在与普通小麦的回交后代中只获得了含有 T7DS·5Lr-

L+T5LrS·7DL 和 T7DS·5LrL 2 种易位染色体的植株, 二者比例分别为 83.9% 和 16.1%, 明显表现出含有 5Lr 长臂易位染色体花粉的优先传递性, 推测在大赖草 5Lr 染色体长臂上存在花粉优先传递基因, 该结果与含有 5Lr 长臂端体的花粉具优先传递特征相一致。在相互易位杂合体 WLS6-7 自交后代中, 除了获得含有 2 条相互易位染色体的纯合体外, 我们还获得了 1 株含有 1 对 T7DS·5LrL 易位染色体的纯合体。赤霉菌接种结果, T7DS·5LrL 植株的病小穗率为 2.8%, 感病品种中国春的病小穗率为 43.8%, 苏麦 3 号的病小穗率为 1.6%, 该易位株表现出了较高的赤霉病抗性, 推测 5Lr 长臂上有抗赤霉病基因, 纯合易位系 T7DS·5LrL 可用作小麦赤霉病抗性改良的新种质。

参考文献

- 1 Zeller F J, Hsam S L. Broadening the genetic variability of cultivated wheat by utilizing rye chromatin. In: Proc the 6th Int. Wheat Genet Symp, Kyoto, Japan, 1983. 161—171
- 2 Gale M D, Miller T E. The introduction of alien genetic variation into wheat. In: Lupton F G H, ed. Wheat Breeding: Its Scientific Basis. UK: Chapman and Hall, 1987. 173—210
- 3 Knott D R. Transferring alien genes to wheat. In: Heyne E G, ed. Wheat and Wheat Improvement. 2nd ed. Madison, WI: Am Soc Agron, 1987. 462—471
- 4 McIntosh R A. Alien sources of disease resistance in bread wheats. In: Sasakuma T, kinoshita T, eds. Proc of Dr. H Kihara Memorial Int Symp on Cytoplasmic Engineering in Wheat. Nuclear and organellar genomes of wheat species. Yokohama, Japan, 1991. 320—332
- 5 Jiang J, Friebe B, Gill B S. Recent advances in alien gene transfer in wheat. Euphytica, 1994, 73: 199—212
- 6 Friebe B, Jiang J M, Raupp W J, et al. Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: Current status. Euphytica, 1996, 91: 59—87
- 7 McGuire P E, Dvorak J. High salt-tolerance potential in wheatgrasses. Crop Sci, 1981, 21: 702—705
- 8 Mujeeb-Kazi A, Bekele G T, Mirand J L. Incorporation of alien genetic information from *Elymus giganteus* into *Triticum aestivum*. In: Proc the 6th Int. Wheat Genet Symp, Kyoto, Japan, 1983. 223—231
- 9 Kishii M, Yamada T, Sasakuma T, et al. Production of wheat-*Leymus racemosus* chromosome addition lines. Theor Appl Genet, 2004, 109: 255—260
- 10 Qi L L, Pumphrey M O, Friebe B, et al. Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to *Fusarium* head blight disease of wheat. Theor Appl Genet, 2007, 117: 1155—1166
- 11 陈佩度, 王兆悌, 王苏玲, 等. 将大赖草种质转移给普通小麦的研究Ⅲ. 抗赤霉病异附加系选育. 遗传学报, 1995, 22: 206—210
- 12 孙文献, 陈佩度, 刘大钧. 将大赖草种质转移给普通小麦的研究Ⅵ. 端体异附加系的选育与鉴定. 遗传学报, 1998, 25: 259—264
- 13 王林生, 陈佩度. 抗赤霉病普通小麦-大赖草端二体代换系 7Lr#1S(7A)的选育及减数分裂行为分析. 科学通报, 2008, 53: 2493—2499
- 14 刘文轩, 陈佩度, 刘大钧. 利用减数分裂期成株电离辐射选育小麦-大赖草易位系的研究. 植物学报, 1999, 41: 463—467
- 15 刘文轩, 陈佩度, 刘大钧. 利用花粉辐射诱发普通小麦与大赖草染色体易位的研究. 遗传学报, 2000, 27: 44—49
- 16 刘文轩, 陈佩度, 刘大钧. 一个普通小麦-大赖草易位系 T01 的选育与鉴定. 作物学报, 2000, 26: 305—309
- 17 Chen P D, Liu W X, Yuan J H, et al. Development and characterization of wheat-*Leymus racemosus* translocation lines with resistance to *Fusarium* head blight. Theor Appl Genet, 2005, 111: 941—948
- 18 Gill B S, Friebe B, Endo T R. Standard karyotype and nomenclature system for description of chromosome bands and structural aberrations in wheat (*Triticum aestivum*). Genome, 1991, 34: 830—839
- 19 Chen P D, Qi L L, Zhou B, et al. Development and molecular cytogenetic analysis of wheat-*Haynaldia villosa* 6VS/6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew. Theor Appl Genet, 1995, 91: 1125—1128

- 20 Zhang P, Li W, Friebe B, et al. Simultaneous painting of three genomes in hexaploid wheat by BAC-FISH. *Genome*, 2004, 47: 979—987
- 21 Mukai Y, Nakahara Y, Yamamoto M. Simultaneous discrimination of the three genomes in hexaploid wheat by multicolor fluorescence in situ hybridization using total genomic and highly repeated DNA probes. *Genome*, 1993, 36: 489—494
- 22 Sears E R. The transfer of leaf rust resistance from *Aegilops umbellulata* to wheat. *Brookhaven Symp Biol*, 1956, 9: 1—22
- 23 Snape J W. The use of irradiated pollen for differential gene transfer in wheat (*Triticum aestivum*). *Theor Appl Genet*, 1983, 65: 103—111
- 24 Bie T D, Cao Y P, Chen P D. Mass production of intergeneric chromosomal translocations through pollen irradiation of *Triticum durum-Haynaldia villosa* amphiploid. *J Integr Plant Biol*, 2007, 49: 1619—1626
- 25 Cao Y P, Bie T D, Wang X E, et al. Induction and transmission of wheat-*Haynaldia villosa* chromosomal translocations. *J Genet Genom*, 2009, 36: 313—320
- 26 陈升位, 陈佩度, 王秀娥. 利用电离辐射处理整臂易位系成熟雌配子诱导外源染色体小片段易位. 中国科学C辑: 生命科学, 2008, 38: 215—220
- 27 别同德, 汪乐, 何华刚, 等. 一个花粉辐射诱导的小麦-簇毛麦相互易位染色体系的分子细胞遗传学研究. 作物学报, 2007, 33: 1432—1438

·动 态·

干扰性竞争和高温维系了榕树与榕小蜂间的共生关系

榕树通过榕小蜂进行授粉,但同时榕小蜂在雌花中产卵,其幼虫可以形成虫瘿并食用发育中的种子。尽管榕树仍然能从容忍榕小蜂产卵中获益,但由于榕小蜂幼虫可使花粉分散,榕树必须防止榕小蜂在所有花中产卵,否则种子将不能生成,共生关系也将不复存在。中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室俞维理研究组与合作者针对聚果榕进行了研究,他们发现仅具有很少定居者(产卵榕小蜂)的榕树花在夏季开发程度很低(种子少、虫瘿少、空胚珠多),而在冬季被过度开发(种子少、虫瘿多、空胚珠少)。相反,带有较多定居者的花序无论季节如何,都可得到中等数量的虫瘿和种子。他们利用实验证实了该现象,并揭示了这种共生关系保持的机制。在炎热的夏季,榕小蜂寿命短而不能在很多花中产卵。相反,冬季相对低的温度则使榕小蜂寿命延长,允许其开发更多的花。可是

即使在冬季,只有带有少量定居者的花序其大部分花才具有虫瘿;而在具有较多定居者的花序中,由于存在冲突性竞争而降低了榕小蜂的寿命,从而降低了形成虫瘿的花的比例。研究人员进一步研究发现,花序通过延迟孔的闭合鼓励更多定居者进入。上述结果解释了榕树在榕小蜂繁盛的冬季虫瘿率低而在榕小蜂受到抑制的夏季虫瘿率高的原因。干扰性竞争已经被发现可以降低病原微生物的致病力,该研究表明干扰竞争还可以维持共生关系,将致病力理论和共生联系起来,并揭示了榕树和榕小蜂间频率依赖性调节的形成机制,以及宿主如何“制定游戏规则”以维持共生关系的机制。相关研究论文发表在2009年11月12日 *PLoS ONE*, 4(11): e7802 上。

(信息来源: 科学技术部《基础科学研究快报》)