

大豆疫霉菌无毒基因的快速检测

范黎

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

大豆疫霉菌 *Phytophthora sojae* 可引起大豆疫霉根腐病, 是影响大豆生产的毁灭性病害。全球每年由于大豆疫霉根腐病导致的直接经济损失高达十几亿美元, 该菌流行于我国东北大豆产区和福建等地并引起严重病害^[1]。大豆疫霉菌属土传病原菌, 可在大豆生育期的任何阶段危害, 利用化学药剂很难防治, 因此培育、种植抗病品种是防治大豆疫霉根腐病的唯一有效途径。无毒基因是病原菌中决定寄主植物品种特异抗性表达与否的功能基因, 其缺失或功能的丧失将导致病原菌产生新的毒性小种, 继而使含有相对应抗病基因作物品种的抗病性丧失, 如果环境条件适宜, 其他防治措施不利, 往往导致病害的大流行^[2]。因此, 建立病原菌无毒基因的快速检测技术特别有助于对病原菌群体中小种分布的时空分布监测, 从而指导抗病品种的布局和轮作, 有效控制病害的发生。

本期介绍孙龙和文景芝的论文“大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)无毒基因 *Avr1a*、*Avr1k* 及 *Avr3a* 的分子鉴定”^[3]。作者依据 GenBank 中公布的 *P. sojae* 无毒基因 *Avr1a*、*Avr1k* 及 *Avr3a* 的序列分别设计特异性引物并建立了检测体系, 经分子鉴定和接种鉴定, 发现 *Avr1a*、*Avr1k* 和 *Avr3a* 的分子鉴定和接种鉴定结果符合率依次为 45.3%、87.2% 和 97.7%。3 个无毒基因的真阳性条带序列与原序列一致性均达 97% 以上, *Avr1a* 的假阳性条带与原序列一致性在 80% 左右, 其余两个基因均在 30% 以下。这一结果表明利用 *Avr1a*、*Avr1k* 及 *Avr3a* 基因序列分别设计引物建立的检测体系可以用于 *Avr3a* 的快速检测, 不适用于 *Avr1a* 的快速检测, 是否适合 *Avr1k* 的快速检测尚需进一步研究。这一研究作为大豆疫霉菌无毒基因 *Avr3a* 的快速检测提供了有效的方法, 为进一步研究大豆疫霉菌其他无毒基因的检测提供了较好的参考依据。

关键词: 植物病害, 真菌, 引物, 大豆

参考文献

- [1] 夏长剑, 张吉清, 王晓鸣, 等. 引自美国的大豆资源抗疫霉根腐病基因分析. 作物学报, 2011, 37(7): 1167–1174.
- [2] 张连洪, 燕继晔, 赵文生, 等. 稻瘟菌无毒基因 AVR-Pikm 的定位. 植物病理学报, 2006, 36(2): 116–122.
- [3] 孙龙, 文景芝. 大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)无毒基因 *Avr1a*、*Avr1k* 及 *Avr3a* 的分子鉴定. 微生物学通报, 2012, 39(10): 1533–1539.

Avirulent genes of *Phytophthora sojae* were detected by rapid molecular method

FAN Li

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

Keywords: Plant disease, Fungi, Primers, Soy bean