

# HGGT 基因对减少小麦籽粒 DON 毒素积累的 效应解析及低毒素种质筛选

吴迪<sup>1</sup>, 胡文静<sup>1</sup>, 吴旭江<sup>1</sup>, 张晓祥<sup>1</sup>, 江伟<sup>1</sup>, 高致富<sup>1</sup>, 高德荣<sup>1,2</sup>

(1. 江苏里下河地区农业科学研究所/农业部长江中下游小麦生物学与遗传育种重点实验室, 江苏扬州 225007;

2. 扬州大学/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心/江苏省植物功能基因组学重点实验室, 江苏扬州 225009)

**摘要:**小麦感染赤霉病后籽粒中会有脱氧雪腐镰孢菌醇(DON)毒素产生,影响小麦品质和人畜健康。在小麦中,DON 毒素的毒性主要通过氧化应激引起,植物中的维生素 E 主要作用是抗氧化,而尿黑酸槐牛儿基槐牛儿基转移酶基因 HGGT 是维生素 E 合成的关键限速基因。为了验证 HGGT 基因是否存在降低小麦籽粒毒素积累的效应,利用自开发的 HGGT 基因特异性标记对 133 份中国主推品种及部分地方品种组成的自然群体进行检测,筛选出携带 HGGT 基因的品种 23 份,并对这些品种两年平均病小穗率及籽粒 DON 毒素含量数据进行关联分析。结果表明,携带 HGGT 基因的品种平均病小穗率为 20.47%,比不携带该基因的品种平均病小穗降低 22.63 个百分点( $P < 0.01$ ),说明 HGGT 基因在小麦赤霉病的扩展抗性方面也存在一定的效应。在未接种条件下,携带 HGGT 基因的品种平均籽粒 DON 毒素含量为  $0.12 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,比不携带该基因的品种平均籽粒 DON 毒素含量降低 75.70% ( $P < 0.05$ );在接种条件下,携带 HGGT 基因的品种平均籽粒 DON 毒素含量为  $5.51 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,比不携带该基因的品种平均籽粒 DON 毒素含量降低 52.97% ( $P < 0.01$ )。随后将自然群体接种后与接种前籽粒 DON 毒素含量差值与基因型数据关联分析,发现携带 HGGT 基因与不携带 HGGT 基因的品种之间籽粒 DON 毒素含量存在极显著差异( $P < 0.01$ ),携带该基因的毒素积累降低 51.93%,验证了 HGGT 基因对小麦籽粒 DON 毒素积累存在显著的负调控效应。利用特异性标记在自然群体中筛选出了携带 HGGT 基因的扬麦 18、扬麦 33、苏麦 3 号等小麦品种,这些品种接种后两年平均籽粒 DON 毒素含量均低于国标 GB2761-2011 限量标准( $1000 \mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ),可作为亲本用于小麦低 DON 毒素新种质创制。

**关键词:** 关键词:小麦;赤霉病;HGGT 基因;标记开发;DON 毒素;育种利用

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)11-1503-07

## Analysis of the Effect of HGGT Gene on Reducing the Accumulation of DON Toxin in Wheat Grains and Screening of Low Toxin Germplasm

WU Di<sup>1</sup>, HU Wenjing<sup>1</sup>, WU Xujiang<sup>1</sup>, ZHANG Xiaoxiang<sup>1</sup>, JIANG Wei<sup>1</sup>, GAO Zhifu<sup>1</sup>, GAO Derong<sup>1,2</sup>

(1. Lixiahe Institute of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Breeding in the Middle and Lower

Yangtze River, Ministry of Agriculture, Yangzhou, Jiangsu 225007, China; 2. Jiangsu Co-Innovation Center for Modern

Production Technology of Grain Crops/ Jiangsu Key Laboratory of Crop Genomics and Molecular Breeding/

Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China)

**Abstract:** Fusarium head blight is a worldwide disease caused by *Fusarium graminea*, which seriously affects the yield and quality of wheat. The toxin of deoxynivetol(DON) produced by the grain infected by the pathogen poses a serious threat to human and animal health. In wheat, the toxicity of DON

收稿日期:2024-12-05 修回日期:2025-01-06

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金项目(CX(23)3089);国家自然科学基金项目(32472100);江苏里下河地区农业科学研究所青年基金专项(SJ(24)04)

第一作者 E-mail:956671930@qq.com(吴迪)

通讯作者 E-mail:huren2008@126.com(胡文静);gdr@wheat.org.cn(高德荣)

toxin is mainly caused by oxidative stress, and the main function of vitamin E in plants is antioxidant. In order to verify the effect of *HGGT* gene on reducing toxin accumulation in wheat grains, we developed the specific markers for *HGGT* gene and screened 23 varieties carrying *HGGT* gene from 133 national dominant varieties and some local varieties and lines. Combined with the data of two-year average diseased spikelet rate and grain DON toxin content, the correlation analysis showed that: the average diseased spikelet rate with *HGGT* gene was 20.47%, which was 22.67 percentage points lower than that without *HGGT* gene ( $P < 0.01$ ), indicating that *HGGT* gene also had a certain effect on the spread resistance of wheat scab. Under the conditions of no inoculation, the average grain DON toxin content of cultivars carrying *HGGT* gene was  $0.12 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , which was 75.70% lower than that of cultivars without *HGGT* gene ( $P < 0.05$ ). Under inoculation conditions, the average grain DON toxin content of cultivars carrying *HGGT* gene was  $5.51 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , which was 52.97% lower than that of cultivars without *HGGT* gene ( $P < 0.01$ ). The difference of DON toxin content in grains after inoculation and before inoculation was correlated with genotype data, and it was found that there was a significant difference in the changes of toxin content in grains between varieties carrying *HGGT* gene and those without *HGGT* gene ( $P < 0.01$ ), and the DON toxin accumulation with this gene was reduced by 51.93%. It was verified that *HGGT* gene had a significantly negative regulatory effect on the accumulation of DON toxin in wheat grains. Yangmai 18, Yangmai 33, Sumai 3, harboring *HGGT*, had the lower grain DON toxin content than the national standard GB2761-2011 ( $1\ 000 \mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ) based on the phenotype of two years. This study could promote development of new wheat germplasm with low DON toxin.

**Keywords:** Wheat; Fusarium head blight; *HGGT* gene; Marker development; DON toxin; Breeding utilization

小麦赤霉病就是由禾谷镰刀菌复合种 (*Fusarium graminearum* complex) 侵染引起的一种真菌性病害。小麦赤霉病会导致小麦籽粒产量和品质下降,其致病菌产生的脱氧雪腐镰刀菌烯醇 (deoxynivalenol, DON) 和玉米赤霉烯酮 (zearalenone, ZEN) 等镰刀菌毒素会污染籽粒,进一步威胁着人畜健康和安全<sup>[1]</sup>。DON 毒素摄入后可能导致人体一系列健康问题,包括头晕、头痛、恶心、呕吐、腹痛、腹泻、发烧和嗜睡,还引起家畜拒食和腹泻<sup>[2]</sup>。自 2010 年中国对小麦生产监测以来,2010、2012、2015 和 2016 年多个小麦主产省小麦籽粒 DON 毒素出现严重超标现象<sup>[3]</sup>。2012 年采集的长江中下游和黄淮麦区 84 份样品中, DON 检出率为 95%<sup>[4]</sup>; 2017 年山东市场采集的 100 份面包和饼干样品中, DON 检出率为 95%<sup>[5]</sup>。国外小麦和小麦制品中也同样受 DON 毒素污染。西班牙市场抽检的样品中, 38% 携带 DON 毒素<sup>[6]</sup>; 德国抽检的小麦制品中均可检测出 DON<sup>[7]</sup>; 波兰抽检的小麦制品中, 有 83% 含 DON 毒素<sup>[8]</sup>。

在小麦中, DON 毒素的毒性主要通过氧化应激 (oxidative stress, OS) 引起。氧化应激发生后大量自由基产生, 包括活性氧 (reactive oxygen species, ROS) 等, 并诱导脂质过氧化, 破坏细胞

膜完整性, 使细胞氧化还原信号和细胞抗氧化状态发生改变, 最终造成 DNA 损伤和细胞死亡<sup>[9]</sup>。 *HGGT* 基因在小麦中编码尿黑酸牻牛儿基牻牛儿基转移酶, 该酶是维生素 E 生物合成途径中的关键酶, 负责催化合成生育三烯酚。维生素 E 是一类重要的脂溶性抗氧化剂, 包括生育酚和生育三烯酚两种形式, 对于保护细胞膜不受自由基的损害具有重要作用<sup>[10]</sup>。在小麦中, *HGGT* 基因的表达与维生素 E 的合成密切相关, 而维生素 E 的含量和组成对小麦的营养价值和抗逆性有显著影响<sup>[11]</sup>。研究表明, 活性氧能诱导小麦赤霉病毒素的产生, 而维生素 E 能够猝灭活性氧, 因此 *HGGT* 基因可能通过调控维生素 E 的合成来减少活性氧的含量, 从而间接降低小麦赤霉病毒素的含量<sup>[12]</sup>。一些研究发现, 通过增加小麦中的维生素 E 含量, 可以显著降低由禾谷镰刀菌引起的 DON 毒素的积累<sup>[13]</sup>。这表明 *HGGT* 基因可能在小麦对赤霉病的抗性中发挥作用, 通过提高维生素 E 的合成来减少毒素的积累, 为小麦赤霉病及其毒素防控提供了新的基因资源和策略。本研究通过开发 *HGGT* 基因特异性标记, 在自然群体中筛选相关种质, 并将基因型数据与表型数据进行关联分析, 探讨 *HGGT* 基因对小麦籽粒

抗 DON 毒素的效应, 以为小麦抗赤霉育种提供参考。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

2022 和 2023 年在江苏里下河地区农科所湾头基地(海拔 10~20 m, 北纬 32.24°, 东经 119.26°, 年降水量 1 020 mm) 种植 133 份中国主推品种及部分地方品种组成的自然群体, 每个品种每行播 30 粒, 2 行 1 个重复, 试验设 2 个重复, 行长 150 cm, 行距 30 cm。试验的大田管理按照当地的标准模式进行, 不进行病害防治。

### 1.2 小麦基因组 DNA 提取

苗期取 133 份材料的嫩叶, 采用 CTAB<sup>[14]</sup> 法提取出各个材料的基因组 DNA。用超微量分光光度计检测 DNA 的浓度, DNA 浓度 6 000 ng · μL<sup>-1</sup> 左右,  $D_{260\text{nm}}/D_{280\text{nm}}$  处于 1.7~2.0 范围。

### 1.3 *HGGT* 基因引物设计及扩增

为了快速有效地筛选 *HGGT* 基因的等位变异, 我们通过 GenBank 网站找到 *HGGT* 基因的序列信息, 利用 Primer Premier 5.0 软件设计 *HGGT* 基因的特异性扩增引物<sup>[15]</sup> (由北京擎科生物科技有限公司合成), 开发出新的特异性分子标记 IndHgg1 和 IndHgg2 (表 1)。这些标记基于 *HGGT* 基因的序列多态性, 能够准确区分不同等位基因型, 可用于携带 *HGGT* 基因有利等位变异的小麦种质筛选。

PCR 反应体系采用 10 μL 体系, 其中 50 ng DNA 模板, 上、下游引物各 0.2 μL (10 μmol · L<sup>-1</sup>), 5 μL 2 × Taq Plus Master Mix (诺唯赞公司), 剩余体积用 ddH<sub>2</sub>O 补足。PCR 程序: 95 °C 预变性 3 min; 95 °C 变性 30 s, 根据引物要求 55~58 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 1 min, 33 个循环; 72 °C 延伸 5 min。

### 1.4 赤霉病接种

采用单花滴注法, 在小麦扬花期, 对其中 1 个重复接种, 将制备好的菌液注射到小穗外侧小花

的内外颖之间, 每行接种 10 个穗子, 接种 21 d 后鉴定感病小穗数, 计算病小穗率。另 1 个重复不做接种处理。

### 1.5 籽粒中 DON 毒素含量的测定

本项目采用液质联用法<sup>[16]</sup> (LC-MS) 测定籽粒中 DON 毒素含量, 仪器使用 QTRAP-4500 超高效液相色谱—串联质谱仪 (美国 Sciex 公司)。在小麦成熟期, 每个品种将接种后的病穗和未接种的麦穗各收获 10 个, 脱粒后, 处理好样品, 配置标准溶液, 设置好色谱和质谱条件, 数据采集使用 Analyst 软件, 数据处理使用 MultiQuant 3.0.3 软件, 获取品种接种和未接种两种条件下籽粒中 DON 毒素含量。

## 2 结果与分析

### 2.1 *HGGT* 基因特异性标记开发及自然群体中的分布

通过利用自开发的 *HGGT* 基因特异性标记检测, 133 份品种组成的自然群体中, 110 份品种不携带 *HGGT* 基因, 23 份品种携带 *HGGT* 基因, 分别占自然群体的 83% 和 17%。对自然群体的两年平均病小穗率统计分析发现, 在赤霉病针接种条件下, 携带 *HGGT* 基因的品种对赤霉病的抗性大多较好 (表 2), 如抗性优良的扬麦 33、苏麦 3 号、郑麦 9023 等, 推测该基因在小麦赤霉病扩展抗性方面可能发挥一定的拮抗作用。

### 2.2 自然群体平均病小穗率和籽粒 DON 毒素含量结果

调查结果 (图 1) 表明, 在两年单花滴注接种条件下, 自然群体中有 50 个品种两年平均病小穗率范围为 0~25%, 35 个品种两年平均病小穗率范围为 25%~50%, 43 个品种两年平均病小穗率范围为 50%~75%, 5 个品种两年平均病小穗率范围为 75%~100%, 说明自然群体中品种的赤霉病抗性差异较大, 部分品种具有较强的抗性。在未接种条件下, 自然群体中籽粒 DON 毒素最高含量为 5.89 mg · kg<sup>-1</sup>, 其中 4 个品种的 DON 毒

表 1 *HGGT* 标记引物信息

Table 1 Information of *HGGT* marker primers

标记 Marker	引物序列 Sequence of primer(5'—3')		扩增片段大小 Amplified fragment size/bp
	F	R	
IndHgg1	TTCATGGTGCAATTATAAGGGAG	AAGGAAAAGGGAAGAAAAAAGAA	416
IndHgg2	TCCGCATAACAATGCAATCA	ATAAAATGAGAAACGGGTCGG	215

表 2 携带 *HGGT* 基因的品种赤霉病病小穗率

Table 2 Scab diseased spikelet rate in the varieties containing *HGGT* gene

序号 Accession	品种 Variety	<i>HGGT</i> 基因 <i>HGGT</i> gene	平均病小穗率 Average rate of diseased spikelets/%
1	济南 17 Jimai 17	+	53
2	济麦 77231 Jimai 77231	+	21
3	泰麦 198 Taimai 198	+	27
4	三月黄 Sanyuehuang	+	57
5	镇 7495 Zhen 7495	+	29
6	宁 17073 Ning 17073	+	25
7	徐麦 17258 Xumai 17258	+	17
8	LJ683	+	12
9	苏麦 3 号 Sumai 3	+	9
10	宁麦 9 号 Ningmai 9	+	12
11	苏麦 5 号 Sumai 5	+	14
12	苏麦 6 号 Sumai 6	+	30
13	扬辐麦 3046 Yangfumai 3046	+	22
14	扬麦 17 Yangmai 17	+	11
15	扬麦 18 Yangmai 18	+	12
16	郑麦 9023 Zhengmai 9023	+	16
17	扬麦 28 Yangmai 28	+	17
18	宁麦 13 Ningmai 13	+	17
19	扬 17G83 Yang 17G83	+	16
20	鄂麦 133 Emai 133	+	12
21	镇麦 12 Zhenmai 12	+	10
22	宁 17396 Ning 17396	+	24
23	扬麦 33 Yangmai 33	+	9

+: 携带 *HGGT* 基因。表 3 同。

+: Carrying *HGGT* gene. The same in table 3.

素含量超过  $2 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , 17 个品种的 DON 毒素含量处于  $1 \sim 2 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 112 个品种的 DON 毒素含量小于  $1 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  (图 2), 说明在没有人工接种禾谷镰刀菌的情况下, 大部分推广品种的籽粒 DON 毒素含量能够符合国家标准 GB2761-2011 毒素限量标准; 在接种条件下 (图 3), 自然群体中籽粒的 DON 毒素最低和最高含量分别为  $0.35$  和  $48.07 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , 其中 86 个品种的 DON 毒素含量处于  $0 \sim 10 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 33 个品种的 DON 毒素含量处于  $10 \sim 20 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 7 个品种的 DON 毒素含量处于  $20 \sim 30 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 5 个品种的 DON 毒素含量处于  $30 \sim 40 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 2 个品种的 DON 毒素含量处于  $40 \sim 50 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$  范围, 说明经过禾谷镰刀菌感染, 品种籽粒毒素含量会大幅度升高, 但仍有少数品种存在抗毒素积累效应。

### 2.3 基因型与表型关联分析

为了解析 *HGGT* 基因与小麦赤霉病病小穗率及籽粒 DON 毒素积累的关系, 利用特异性标记在自然群体中扩增得到的基因型数据分别与两

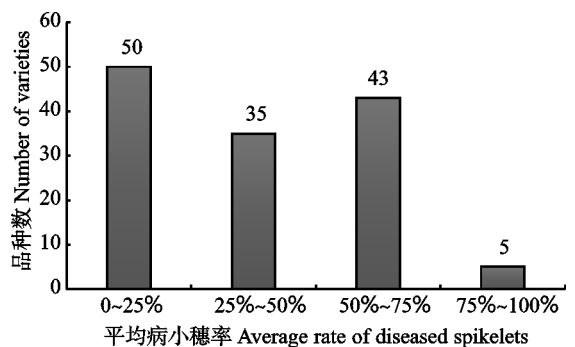


图 1 接种条件下自然群体品种两年平均病小穗率分布  
Fig. 1 Frequency distribution of diseased spikelet rate of natural population varieties under inoculation conditions (average of 2-year data)

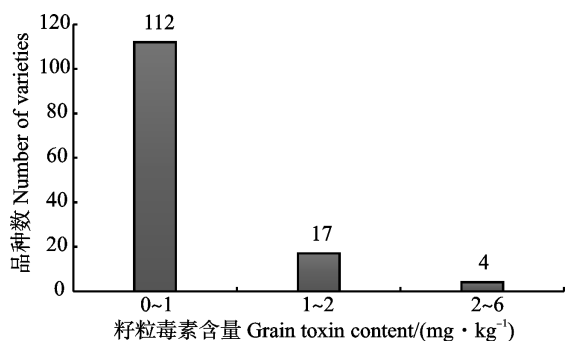


图 2 未接种条件下自然群体品种两年平均籽粒 DON 毒素含量分布

Fig. 2 Average distribution of DON toxin content in grain of natural population varieties in two years without inoculation

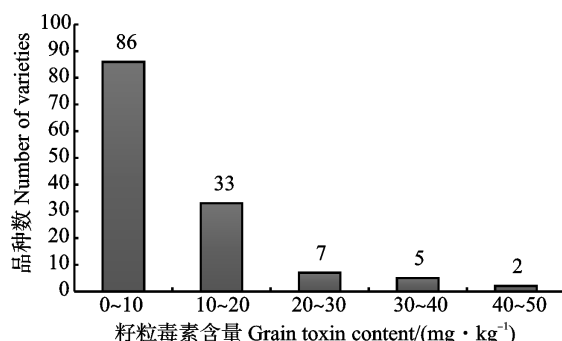
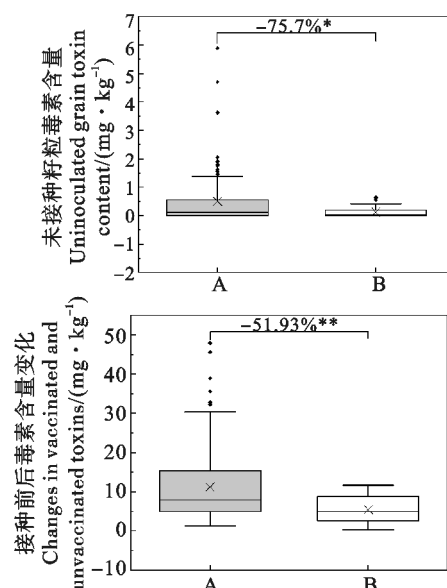
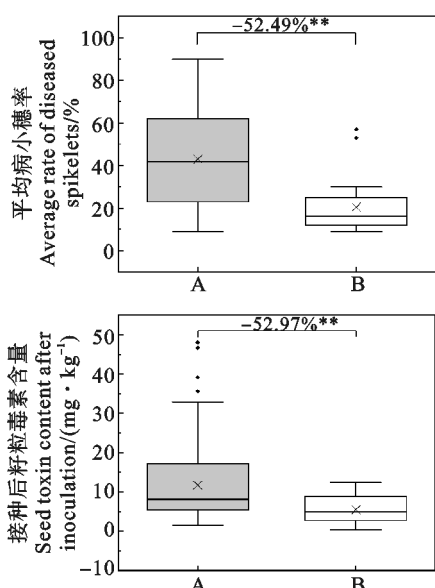


图 3 接种条件下自然群体品种两年平均籽粒 DON 毒素含量分布

Fig. 3 Average distribution of DON toxin content in grain of natural population varieties in two years under inoculation conditions



在箱型图中, × 为平均值, 水平线表示中位数, 图上下的点表示离群点。A: 不携带 *HGGT*; B: 携带 *HGGT*。\*:  $P < 0.05$ ; \*\*:  $P < 0.01$ 。

× represents the average value, the horizontal line represents the median, and the points above or below the graph represent outliers. A: Not carrying *HGGT*; B: Carrying *HGGT*. \*:  $P < 0.05$ ; \*\*:  $P < 0.01$ .

图 4 *HGGT* 基因与小麦病小穗率及籽粒毒素含量积累关联分析

Fig. 4 Association analysis of *HGGT* gene with diseased spikelet rate and grain DON toxin accumulation of wheat

表 3 籽粒低毒素的小麦品种

Table 3 Wheat varieties with low toxin levels

品种 Variety	毒素含量 Toxin content/(mg · kg <sup>-1</sup> )		平均病小穗率 Average rate of diseased spikelet/%	<i>HGGT</i> 基因 <i>HGGT</i> gene
	接种前 Pre-inoculation	接种后 Post-inoculation		
扬麦 33 Yangmai 33	0.00	0.75	9	+
扬麦 18 Yangmai 18	0.00	0.91	12	+
苏麦 3 号 Sumai 3	0.03	0.35	9	+
宁麦 9 号 Ningmai 9	0.01	2.42	12	+
郑麦 9023 Zhengmai 9023	0.34	2.08	16	+
扬麦 28 Yangmai 28	0.00	2.65	17	+
鄂麦 133 Emai 133	0.07	2.74	12	+
镇麦 12 Zhengmai 12	0.15	2.73	10	+

年大田环境下平均病小穗率以及接种、未接种条件下测定的平均籽粒毒素含量进行关联分析。方差分析结果(图 4)表明,自然群体中携带 *HGGT* 基因与不携带 *HGGT* 基因的品种之间两年平均病小穗率存在极显著差异( $P < 0.01$ ),携带 *HGGT* 基因和不携带该基因的两年平均病小穗率分别为 20.47% 和 43.10%,携带该基因的品种两年平均病小穗率降低 22.63 个百分点,说明 *HGGT* 基因对小麦赤霉病抗性提高有一定的效应。

在未接种条件下,自然群体中携带 *HGGT* 基因与不携带 *HGGT* 基因的品种之间籽粒 DON 毒素含量存在显著差异( $P < 0.05$ ),携带 *HGGT* 基因与不携带该基因的两年平均籽粒 DON 毒素含量分别为 0.12 和 0.51  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,携带该基因的品种两年平均籽粒 DON 毒素含量降低 75.70%;在接种条件下,自然群体中携带 *HGGT* 基因与不携带 *HGGT* 基因的品种之间籽粒 DON 毒素含量存在极显著差异( $P < 0.01$ ),携带 *HGGT* 基因与不携带该基因的两年平均籽粒 DON 毒素含量分别为 5.51 和 11.70  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,携带该基因的品种两年平均籽粒 DON 毒素含量降低 52.97%。

为了进一步明确 *HGGT* 基因在小麦中是否存在减弱籽粒 DON 毒素积累的效应,比较了 133 个品种组成的自然群体中接种前与接种后籽粒的 DON 毒素含量,并与基因型数据进行关联分析。根据方差分析,携带 *HGGT* 基因与不携带 *HGGT* 基因的品种之间籽粒 DON 毒素含量存在极显著差异( $P < 0.01$ ),接种后携带和不携带 *HGGT* 基因的品种平均 DON 毒素含量比接种前分别提高 5.39 和 11.20  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,携带该基因的 DON 毒素积累降低 51.93%,说明 *HGGT* 基因存在能明显降低 DON 毒素在品种籽粒中积累的效应。

#### 2.4 低 DON 毒素抗赤霉病种质筛选

利用 *HGGT* 基因的特异性标记检测结果结合两年籽粒毒素含量和病小穗率数据成功筛选出 8 个小麦品种(表 3)。这 8 个品种均携带 *HGGT* 基因,接种后其赤霉病平均病小穗率为 12%,籽粒 DON 毒素含量均低于 3  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,其中扬麦 33、扬麦 18 和苏麦 3 号均低于 1  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。这些品种可作为小麦抗赤霉病低 DON 毒素种质创制的亲本进行利用。

### 3 讨论

#### 3.1 *HGGT* 基因同时对籽粒 DON 毒素和病小穗率存在拮抗作用

本研究在针注接种后调查了小麦自然群体两

年的病小穗率,结合群体的基因型数据发现,携带 *HGGT* 基因的多为赤霉病抗性较好的品种,如公认抗性优良的扬麦 33、苏麦 3 号、郑麦 9023 等。通过关联分析,携带该基因的品种比不携带该基因的品种两年平均病小穗降低了 22.63 个百分点,推测 *HGGT* 基因除了对籽粒抗 DON 毒素积累具有显著效应外,在小麦赤霉病扩展抗性方面发挥一定的拮抗作用。在后续研究中,将通过定量 PCR(qPCR)<sup>[17]</sup> 等技术,分析 *HGGT* 基因在不同小麦品种中的表达水平,并与赤霉病抗性相关性状进行关联分析,以确定 *HGGT* 基因表达与赤霉病抗性之间的关系。未来的研究将利用基因编辑技术<sup>[18]</sup> 和转基因过表达<sup>[19]</sup>,对 *HGGT* 基因进行功能验证,研究其对小麦赤霉病扩展抗性及其抗 DON 毒素积累的效应大小,探究该基因在小麦中的表达调控机制。

#### 3.2 低 DON 毒素抗赤霉病种质的育种利用

本研究评估了自然群体赤霉病抗性和 DON 毒素积累情况,结合 *HGGT* 基因检测,筛选出的低 DON 毒素积累种质。可将这些低 DON 毒素含量的小麦种质作为小麦抗赤霉病种质创制的亲本,与其他优良品种进行杂交,利用 *HGGT* 基因的特异性标记进行后代选择,筛选出同时携带 *HGGT* 基因有利等位变异和其他优良性状的后代,对筛选出的后代进行田间试验,评估其在自然环境下对赤霉病的抗性和 DON 毒素的积累情况,确保其在实际生产中的表现。这样有效地利用携带 *HGGT* 基因有利等位变异的种质进行育种,培育出低毒素含量的小麦新品种,可以降低赤霉病病穗率和 DON 毒素积累对小麦生产的影响。下一步还将通过传统育种与分子育种技术相结合,将 *HGGT* 基因与其他已知的抗赤霉病基因聚合<sup>[20]</sup>,培育出籽粒维生素 E 含量高且 DON 毒素低抗赤霉病的绿色营养型小麦新品种。

### 4 结论

利用 *HGGT* 基因特异性标记在自然群体获取的基因型数据分别与两年大田环境下病小穗率及接种与不接种条件下测定的籽粒 DON 毒素含量进行关联分析,结果发现,携带 *HGGT* 基因的品种比不携带该基因的品种平均病小穗降低约 23 个百分点,说明该基因在小麦赤霉病抗性的扩展方面存在一定的效应。未接种条件下,自然群体中携带该基因的品种两年平均籽粒 DON 毒素

含量降低了 75.70%; 接种条件下, 自然群体中携带该基因的品种两年平均籽粒 DON 毒素含量降低了 52.97%。随后将自然群体接种后籽粒中的 DON 毒素含量与接种前 DON 毒素含量差值与基因型数据关联分析, 携带该基因品种的 DON 毒素积累降低 51.93%, 验证了 HGGT 基因能够显著抑制小麦籽粒 DON 毒素含量的积累, 并筛选出一批低 DON 毒素的小麦种质供育种利用, 为小麦抗赤霉病育种和食品安全提供了新的策略。

#### 参考文献:

- [1] 张爱民, 阳文龙, 李欣, 等. 小麦抗赤霉病研究现状与展望 [J]. 遗传, 2018, 40(10): 858.  
ZHANG A M, YANG W L, LI X, *et al.* Current status and perspective on research against *Fusarium* head blight in wheat [J]. *Hereditas*, 2018, 40(10): 858.
- [2] WEGULO S N. Factors influencing deoxynivalenol accumulation in small grain cereals [J]. *Toxins*, 2012, 4(11): 1157.
- [3] QIU J B, XU J H, SHI J R. *Fusarium* toxins in Chinese wheat since the 1980s [J]. *Toxins*, 2019, 11(5): 248.
- [4] SELVARAJ J N, ZHAO Y J, SANGARE L, *et al.* Limited survey of deoxynivalenol in wheat from different crop rotation fields in Yangtze-Huaihe river basin region of China [J]. *Food Control*, 2015, 53: 151.
- [5] JIANG D F, CHEN J D, LI F H, *et al.* Deoxynivalenol and its acetyl derivatives in bread and biscuits in Shandong Province of China [J]. *Food Additives & Contaminants: Part B, Surveillance*, 2018, 11(1): 43.
- [6] MONTES R, SEGARRA R, CASTILLO M Á. Trichothecenes in breakfast cereals from the Spanish retail market [J]. *Journal of Food Composition and Analysis*, 2012, 27(1): 38.
- [7] GOTTSCHALK C, BARTHEL J, ENGELHARDT G, *et al.* Simultaneous determination of type A, B and D trichothecenes and their occurrence in cereals and cereal products [J]. *Food Additives & Contaminants: Part A*, 2009, 26(9): 1273.
- [8] BRYŁA M, JEŃDRZEJCZAK R, SZYMCZYK K, *et al.* An LC-IT-MS/MS-based method to determine trichothecenes in grain products [J]. *Food Analytical Methods*, 2014, 7(5): 1056.
- [9] 王旭, 黄德玉, 吴庆华, 等. 真菌毒素引起的氧化应激及其毒理学意义 [J]. 生态毒理学报, 2015, 10(6): 62.  
WANG X, HUANG D Y, WU Q H, *et al.* Oxidative stress induced by mycotoxins and its toxicological significance [J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2015, 10(6): 62.
- [10] YANG W Y, CAHOON R E, HUNTER S C, *et al.* Vitamin E biosynthesis: Functional characterization of the monocot homogenisate geranylgeranyl transferase [J]. *Plant Journal*, 2011, 65(2): 206.
- [11] 张兰, 王磊. 植物中维生素 E 的生物学功能研究进展 [J]. 生物技术进展, 2016, 6(6): 389.  
ZHANG L, WANG L. Progress on biological function of vitamin E in plants [J]. *Current Biotechnology*, 2016, 6(6): 389.
- [12] RIZZO A F, ATROSHI F, AHOTUPA M, *et al.* Protective effect of antioxidants against free radical-mediated lipid peroxidation induced by DON or T-2 toxin [J]. *Journal of Veterinary Medicine Series A*, 1994, 41(1-10): 81.
- [13] 朱素芹, 张语卉, 花辰, 等. 维生素 E 对小麦赤霉病菌呕吐毒素积累的调控效应 [J]. 麦类作物学报, 2020, 40(9): 1141.  
ZHU S Q, ZHANG Y H, HUA C, *et al.* Effect of vitamin E on the accumulation of deoxynivalenol in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(9): 1141.
- [14] 张晓祥, 王玲, 寿路路. 一种快速提取小麦基因组 DNA 的改良 CTAB 方法 [J]. 中国农学通报, 2012, 28(36): 46.  
ZHANG X X, WANG L, SHOU L L. A rapid modified CTAB method of extracting genomic DNA from wheat leaf [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 28(36): 46.
- [15] 吴迪, 朱素芹, 张语卉, 等. HGGT 基因与小麦赤霉病籽粒毒素积累的关系解析 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48(11): 96.  
WU D, ZHU S Q, ZHANG Y H, *et al.* Analysis of relationships among HGGT gene, *Fusarium* head blight and deoxynivalenol accumulation in wheat grains [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2020, 48(11): 96.
- [16] 吴杰, 陈万权, 朱宝成. 利用单克隆免疫亲和柱: 高效液相色谱法检测小麦中 DON 毒素的研究 [J]. 畜牧与饲料科学, 2009, 30(4): 10.  
WU J, CHEN W Q, ZHU B C. Determination of deoxynivalenol in wheat by affinity cartridges-high performance liquid chromatography [J]. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2009, 30(4): 10.
- [17] BUSTIN S A, WITTEWER C T. MIQE: A step toward more robust and reproducible quantitative PCR [J]. *Clinical Chemistry*, 2017, 63(9): 1537.
- [18] LI J, LI Y, MA L G. Recent advances in CRISPR/Cas9 and applications for wheat functional genomics and breeding [J]. *aBIOTECH*, 2021, 2(4): 375.
- [19] 于美, 唐华丽, 叶兴国. 利用转基因技术和基因编辑技术改良小麦进展 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(1): 102.  
YU M, TANG H L, YE X G. Progresses on wheat improvement by using transgenic and genome editing technologies [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(1): 102.
- [20] 李式昭, 邓清燕, 涂洋, 等. 高效聚合抗赤霉病基因育种技术体系的研制 [J]. 四川农业科技, 2023(12): 45.  
LI S Z, DENG Q Y, TU Y, *et al.* Development of breeding technology system for efficient polymerization of scab-resistant genes [J]. *Sichuan Agricultural Science and Technology*, 2023(12): 45.