研究发现冬季麦芽大麦抗网斑病的遗传标记

研究人员分析了374个大麦系中的14,789个SNP，以帮助育种者更早筛选出抗病植株。

2026年9月30日星期三



JoVE Visualize在9月29日重点介绍了一项全基因组关联研究，该研究发现了与冬季麦芽大麦抗网斑病相关的遗传标记，为育种者选择更能抵御这一作物长期顽固病害的植株提供了更清晰的路线图。

该研究聚焦一个经过适应性改良的多亲本冬季麦芽大麦群体，并使用了374个大麦系中的14,789个单核苷酸多态性位点，即SNP。这个数字很重要，因为全基因组关联分析依赖于在大量植物中比较众多遗传差异，以识别基因组中哪些部分与某一性状持续相关。在这里，这一性状就是抗网斑病能力。

网斑病是一种植物病害，可能损害大麦生长和籽粒品质。在麦芽大麦中，病害压力会影响农场产量，也会影响流入麦芽厂的原料稳定性。这使得抗病性既是农业问题，也可能成为依赖稳定大麦品质进行啤酒生产的酿酒商的供应问题。

JoVE Visualize介绍的这项工作旨在帮助育种项目从田间观察抗病性，转向识别可在实验室追踪的遗传信号。育种者无需等待多个生长季才能看出哪些材料在病害压力下表现最好，而是可以利用DNA标记更早、更高效地筛选植株。这并不能取代田间试验，但可以缩小需要继续推进的材料数量，并减少筛选所需时间。

全基因组关联研究在作物科学中被广泛使用，因为它们可以将自然遗传变异与有用性状联系起来，而不需要单一、简单的遗传模式。在大麦以及其他作物中，抗病性往往受多个基因组区域影响，而非只由一个基因决定。多亲本群体在这种情况下尤其有用，因为它比仅由两个亲本衍生的群体包含更多遗传多样性。更多多样性有助于提高找到在育种材料中仍然有效标记的概率。

这项研究的规模也表明，研究者试图在深度与实际育种相关性之间取得平衡。374个系的样本足以对相关材料进行广泛比较，而近15,000个SNP标记则为研究人员提供了对基因组的密集覆盖。两者结合，可以帮助识别与抗病性相关的染色体区域，并将更强的信号与背景噪音区分开来。

对于育种者来说，这类结果的价值取决于这些标记能否得到验证并用于常规选择。只有当一个标记能够在不同环境和育种群体中稳定预测抗病性时，它才最有用。因此，JoVE Visualize突出显示的发现代表的是育种流程中的一个步骤，而不是一个完成的商业产品。在标记成为标准筛选流程的一部分之前，通常还需要进一步测试。

即便如此，这一方向对大麦行业仍然重要。冬季麦芽大麦必须同时满足田间农艺需求以及麦芽和啤酒行业的品质要求。一个在抗病性上表现良好、但在麦芽品质上不合格的材料，其价值将十分有限。反之亦然。针对冬季麦芽大麦种质开展抗病性研究之所以值得注意，是因为它直接在更接近行业应用的植物材料中开展，而不是在一个商业相关性较低的广泛收集中进行。

这可能会给育种站之外带来实际影响。如果大麦育种者能够利用经验证的标记，更高效地提高对网斑病的抗性，种植者在受影响环境中遭受的病害损失可能会更少。随着时间推移，这有助于为麦芽商和酿酒商提供更稳定的麦芽大麦供应，并可能在成本控制和规划方面带来好处。这些影响取决于采用情况、田间表现和当地病害条件，但育种目标与啤酒供应链密切相关。

这项研究也反映了作物改良领域的一个更广泛转向，即将经典植物育种与基因组工具结合起来。传统选择仍然是核心，因为产量、抗病反应、越冬性和麦芽品质都需要在真实条件下测定。但基于标记的辅助方法可以让这些项目更有针对性。研究者一旦能够识别与抗病性相关的基因组区域，就可以更早选择有前景的后代，更有针对性地组合有用性状，并减少继续保留较弱材料的数量。

对于大麦来说，这一点尤为重要，因为育种周期漫长，而且病害压力可能年年变化。即便不能消除不确定性，一个能提高筛选抗病材料概率的基因组工具，也能让育种项目更高效。它还可以帮助育种者在提高抗病性的同时保留其他重要性状，因为他们可以同时追踪多个标记，而不是只依据可见的病害反应进行选择。

JoVE Visualize的材料并未将这项工作视为对大麦网斑病问题的最终答案。相反，它指向了一组可支持育种决策和未来验证工作的遗传关联。在应用作物研究中，进展往往就是这样发生的：先找到有用的基因组信号，再在更多材料和环境中测试它们，最后将其转化为育种项目可日常使用的工具，以培育更具韧性的麦芽大麦。