

引用格式:

胥启东, 贾富成, 耿闯, 杨佳乐, 吕蒙, 李新薇, 李金辉, 牛洪斌, 郑天慧, 孙娟. 玉米*ZmMDR1*基因的抗病功能解析[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2026, 52(1): 18–24.

XU Q D, JIA F C, GENG C, YANG J L, LYU M, LI X W, LI J H, NIU H B, ZHENG T H, SUN J. Functional analysis of disease resistance gene *ZmMDR1* in maize[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2026, 52(1): 18–24.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



## 玉米*ZmMDR1*基因的抗病功能解析

胥启东<sup>1,2</sup>, 贾富成<sup>1,2</sup>, 耿闯<sup>1,2</sup>, 杨佳乐<sup>1,2</sup>, 吕蒙<sup>1,2</sup>, 李新薇<sup>1,2</sup>,  
李金辉<sup>1,2</sup>, 牛洪斌<sup>1</sup>, 郑天慧<sup>1,2</sup>, 孙娟<sup>1,2\*</sup>

(1. 河南农业大学农学院, 河南 郑州 450046;

2. 河南农业大学小麦玉米两熟高效生产全国重点实验室, 河南 郑州 450046)

**摘要:** 利用实时荧光定量PCR、鲁米诺化学发光检测、玉米原生质体系统亚细胞定位等方法, 对*Zmmdr1*突变体的玉米南方锈病和玉米小斑病抗性进行鉴定, 并开展免疫响应研究。结果显示: *Zmmdr1*突变体中, *ZmMDR1*基因的第1997 bp处的碱基发生突变(由G转换为A), 导致翻译提前终止; 分别接种玉米南方锈病和玉米小斑病病原菌后, *Zmmdr1*突变体植株叶片上可观察到明显多于野生型植株的病原孢子和病斑, 说明*Zmmdr1*突变体植株对玉米南方锈病和玉米小斑病的抗性明显下降; 使用flg22处理野生型和突变体植株后, *Zmmdr1*突变体的ROS暴发水平显著弱于野生型植株的; 接菌后, *Zmmdr1*突变体中2个免疫关键基因*ZmrbohD*、*ZmPR1*的表达水平相较于野生型的均明显降低, 说明*ZmMDR1*基因在免疫响应过程中扮演了重要角色; 通过玉米原生质体系统亚细胞定位发现*ZmMDR1*是定位于细胞膜的蛋白。

**关键词:** 玉米; 玉米南方锈病; 玉米小斑病; 抗病基因; *ZmMDR1*

中图分类号: S513

文献标志码: A

文章编号: 1007–1032(2026)01–0018–07

## Functional analysis of disease resistance gene *ZmMDR1* in maize

XU Qidong<sup>1,2</sup>, JIA Fucheng<sup>1,2</sup>, GENG Chuang<sup>1,2</sup>, YANG Jiale<sup>1,2</sup>, LYU Meng<sup>1,2</sup>,  
LI Xinwei<sup>1,2</sup>, LI Jinhui<sup>1,2</sup>, NIU Hongbin<sup>1</sup>, ZHENG Tianhui<sup>1,2</sup>, SUN Juan<sup>1,2\*</sup>

(1. College of Agronomy, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China; 2. State Key Laboratory of High-Efficiency Production of Wheat-Maize Double Cropping, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China)

**Abstract:** Using qRT-PCR, luminol-based chemiluminescence assays, and maize protoplast subcellular localization, we evaluated the resistance of the *Zmmdr1* mutant to southern corn rust and corn leaf blight and analyzed its immune responses. The results showed that in the *Zmmdr1* mutant, the nucleotide at position 1997 bp of the *ZmMDR1* gene was changed from G to A, resulting in premature termination of translation. After inoculation with the pathogens causing southern corn rust and corn leaf blight, the leaves of *Zmmdr1* mutants showed significantly more spores and lesions compared to wild-type plants, indicating a marked reduction in resistance to both diseases in *Zmmdr1* mutants. ROS levels following treatment with Flg22 were detected, and ROS production in *Zmmdr1* mutants was found to be markedly lower than that in the wild-type. After pathogen inoculation, the expression of the key immune-related genes *ZmrbohD* and *ZmPR1* was analyzed, and the expression of the two immune marker genes was found to be significantly reduced in *Zmmdr1* mutants compared to the wild-type, suggesting that *ZmMDR1* plays an essential role in the immune response. Subcellular localization using a maize protoplast system revealed that *ZmMDR1* is a plasma membrane-localized protein.

**Keywords:** maize(*Zea mays* L.); southern corn rust; corn leaf blight; resistance gene; *ZmMDR1*

玉米是全球重要的粮食作物之一, 同时也是重要的饲料和工业原料, 对世界粮食安全具有至关重要的作用<sup>[1–2]</sup>。然而, 病虫害造成了严重的玉米产量损失

和品质下降<sup>[3–5]</sup>。近年来, 玉米南方锈病和玉米小斑病在黄淮海夏玉米种植区连年暴发, 已成为该种植区发生频繁、危害严重的2种病害<sup>[6]</sup>。2015年至2023年间,

收稿日期: 2025–03–13

修回日期: 2025–10–21

基金项目: 河南省优秀青年科学基金项目(232300421036); 国家自然科学基金面上项目(32272175)

作者简介: 胥启东(1999—), 男, 甘肃天水人, 硕士研究生, 主要从事玉米抗病遗传育种研究, xqd17899316080@163.com; \*通信作者, 孙娟, 博士, 教授, 主要从事作物遗传育种研究, sj632132@163.com

黄淮海地区9年中有7年发生了玉米南方锈病,造成严重产量损失。玉米南方锈病是由多堆柄锈菌(*Puccinia polysora* Underw.)引起的一种真菌性叶部病害。目前,已有多玉米南方锈病抗病位点被成功发现,如 *RppCML496*<sup>[7]</sup>、*RppP25*<sup>[8]</sup>、*RppD*<sup>[9]</sup>、*RppS*<sup>[10]</sup>、*RppQ*<sup>[11-12]</sup>、*RppI*<sup>[13]</sup>、*Rpp2*<sup>[14]</sup>和*Rpp9*<sup>[15]</sup>等。此外,还有2个玉米南方锈病主效抗病基因*RppC*<sup>[16]</sup>和*RppK*<sup>[17]</sup>被克隆。尽管如此,发掘新的玉米南方锈病抗病基因资源仍然是全球玉米南方锈病抗病育种工作的重点。

玉米小斑病又称玉米南方叶斑病,是一种广泛分布于全球、严重影响玉米产量和品质的叶部真菌病害。在我国,玉米小斑病通常由玉蜀黍平脐蠕孢菌(*Bipolaris maydis*)引起。目前,已有182个玉米小斑病抗性数量性状基因座(QTL)被报道,这些抗性QTL主要分布在玉米的第3号染色体上的bin3.04区域,1号与9号染色体上也有较多的相关QTL<sup>[18-19]</sup>。YANG等<sup>[20]</sup>克隆了小斑病主效抗病基因*qMdr9.02*位点上的*ZmCCoAOMT2*,发现该基因可通过强化植物细胞壁、抑制植物细胞程序性死亡来限制玉米小斑病病原菌的繁殖;CHEN等<sup>[18]</sup>研究发现*qSLB3.04*位点上的感病基因*ChSK1*突变或敲除可显著提高玉米对小斑病的田间抗性;ZHAO等<sup>[21]</sup>研究发现*rhM*位点的候选基因*LHT1*可显著提高玉米对小斑病的抗性。CHEN等<sup>[19]</sup>克隆了2个抗玉米小斑病的新基因*ZmFUT1*和*MYBR92*,发现这2个基因的敲除材料比野生型材料更加感病。当前发掘新的玉米小斑病抗病基因资源仍然是小斑病抗病育种工作的核心任务。

FERONIA(FER)家族蛋白最初在拟南芥中被鉴定为雌性育性关键调控因子FERONIA(FER)的受体激酶,研究<sup>[22]</sup>发现该蛋白参与植物的生长与生存。FER定位于细胞表面,通过与不同的快速碱化因子(RALF)肽配体互作,控制植物的免疫信号途径<sup>[23]</sup>。RALF-FER-LLG信号模块通过与细胞壁、细胞膜、细胞质及细胞核中的分子互作,介导信号网络。目前已对多个由FER或FER相关受体激酶锚定的FER-LLG模块进行了研究,揭示了FER家族信号模块在植物育性<sup>[24]</sup>和免疫信号途径<sup>[25]</sup>中的功能多样性与机制复杂性。*ZmMDR1*属于FER基因家族,该基因家族在拟南芥中已被证实参与调控PTI免疫反应,并发挥重要作用<sup>[26-28]</sup>。本研究以突变体*Zmmdr1*为试验材料,鉴定*ZmMDR1*对玉米南方锈病和玉米小斑病的抗性水平,旨在明确该基因在玉米抗南方锈病和玉米小斑病过程中的功能,为后续开展该基因的抗病机制研究和成果转化提供理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

玉米野生型材料B73(WT)和EMS诱变突变体*Zmmdr1*来自齐鲁师范学院的EMS诱变突变体库,2份材料均可稳定遗传;玉米南方锈病的病原菌多堆柄锈菌和玉米小斑病的病原菌玉蜀黍平脐蠕孢菌均由河南农业大学小麦玉米两熟高效生产全国重点实验室分离和保存。

试验菌株为大肠埃希菌DH5 $\alpha$ 。载体包括pCE2-T载体(用于基因克隆)和PAN580-GFP(用于亚细胞定位)。

主要试剂:KOD One<sup>TM</sup> PCR Master Mix购自东洋纺(上海)生物科技有限公司;鲁米诺(L-012)购自西格玛奥德里奇(上海)贸易有限公司;辣根过氧化物酶(HRP)购自富士胶片和光纯药株式会社;细胞壁酶和果胶酶均购自Yakult Honsha Co., Ltd.;Trelief Hi-Pure Plant RNA Plus Kit试剂盒购自北京擎科生物科技股份有限公司;HiScript III RT SuperMix试剂盒购自南京诺唯赞生物科技股份有限公司。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 *Zmmdr1*突变体的鉴定

采用CTAB法提取B73和*Zmmdr1*突变体材料的基因组DNA,并使用特异性扩增引物(表1)对*ZmMDR1*进行PCR扩增,回收产物连接至pCE2-T载体,进行Sanger测序;使用DNAMAN软件比较B73和*Zmmdr1*突变体中*ZmMDR1*序列的差异,确定*Zmmdr1*突变体的突变位点和突变方式。

表1 突变体鉴定使用的引物

Table 1 Primers used in mutant identification	
引物名称	引物序列(5'-3')
<i>ZmMDR1</i> -F1	ATGTCCGGTTATGTA
<i>ZmMDR1</i> -R1	TCACCGCCCCCTGGG

#### 1.2.2 病原菌接种与抗性鉴定

1) 育苗与种植。在钵盆中进行玉米育苗,将营养土和蛭石按3:1的比例配制土壤。每个盆中分别密植3株突变体植株和野生型植株。

2) 孢子悬浮液的制备与接种。从玉米南方锈病发病叶片上洗脱多堆柄锈菌孢子(混合孢子),将它们悬浮在无菌水中,形成浓度为 $1 \times 10^6$ 个/mL的孢子悬浮液。从高粱培养基上洗脱玉蜀黍平脐蠕孢菌孢子(混合孢子),用纱布过滤后镜检孢子数,将其浓度调整为 $4.2 \times 10^4$ 个/mL。在孢子悬浮液中加入3~4滴Tween-20,增加悬浮液在叶片上的附着力。使用喷雾器将孢子悬浮液均匀喷洒到3~4叶龄的玉米植株叶片上。将接种后的玉米植株放置在26℃、相对

湿度为85%的培养箱中进行培养,光照条件为16 h光照8 h黑暗。

3) 生长状况观察。在接菌后第11天,测量玉米植株的株高和根长,采集病害表型照片。

4) 取样与病原菌生物量检测。使用直径为6 mm的打孔取样器打取8片玉米的叶片(未接种病原菌),分别与浓度为 $1 \times 10^3$ 、 $1 \times 10^4$ 、 $1 \times 10^5$ 、 $1 \times 10^6$ 、 $1 \times 10^7$ 个/mL的孢子混合后提取DNA。将提取的DNA样本统一稀释至30 ng/ $\mu$ L,作为qPCR模板用于定量分析并构建标准曲线。采集接种后的玉米叶片(8片小圆片)进行DNA提取,同样将DNA稀释至30 ng/ $\mu$ L。根据qPCR获得的CT值,结合标准曲线计算病原菌生物量。

### 1.2.3 ROS动态检测

采用鲁米诺化学发光法对野生型和*Zmmdr1*突变体进行活性氧(ROS)动态检测。选取3~4叶期、生长基本一致的野生型玉米和*Zmmdr1*突变体玉米植株,使用打孔器获取叶片小圆片,将小圆片置于预先加入ddH<sub>2</sub>O的黑色酶标板中,室温条件下黑暗处理,过夜。处理完成后弃去ddH<sub>2</sub>O,更换为L-012缓冲液,浸泡孵育1 h后,试验组加入HRP缓冲液和flg22,对照组加入等体积的ddH<sub>2</sub>O,利用酶标仪检测发光信号,每1 min检测1次,持续检测60 min。检测结束后导出数据,使用Excel作图。以相对光单位(RLU)表征ROS积累水平。

### 1.2.4 *ZmrbohD*和*ZmPR1*表达水平检测

按照Trelief Hi-Pure Plant RNA Plus Kit试剂盒说明书提取玉米的总RNA,使用HiScript III RT SuperMix试剂盒合成cDNA。以cDNA为模板进行qRT-PCR实验。以*ZmEF1 $\alpha$* 基因作为内参基因(表2),采用 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 方法计算野生型和*Zmmdr1*突变体中的*ZmrbohD*和*ZmPR1*基因的相对表达量。

表2 荧光定量实验使用的引物

Table 2 Primers used in qRT-PCR assay	
引物名称	引物序列(5'-3')
<i>ZmrbohD</i> -F1	CCGGCTGCAGACGTTCTT
<i>ZmrbohD</i> -R1	CCTGATCCGTGATCTTCGAAA
<i>ZmPR1</i> -F	AGGCTAGCGTGCCTCCTAGCTCTGG
<i>ZmPR1</i> -R	CGGAGTCGCGCCACACCACCTGCGTG
<i>ZmEF1<math>\alpha</math></i> -F	TGGGCCTACTGGTCTTACTACTGA
<i>ZmEF1<math>\alpha</math></i> -R	ACATACCCACGCTTCAGATCCT

### 1.2.5 亚细胞定位检测

避光种植野生型B73黄化苗,待生长至4~5片叶时取适量叶片,切成1 mm宽的叶段,并加入适量酶解液,室温、黑暗条件下65 r/min振荡酶解4 h。用40  $\mu$ m的滤膜过滤原生质体,并转移至50 mL离心管中,室温下120g离心3 min,吸除上清液后再加入

15 mL W5溶液重悬原生质体,避光静置40 min,120g离心3 min,加入1 mL MMG溶液重悬原生质体,并在显微镜下镜检,将原生质体浓度调整至合适的浓度。将10  $\mu$ g PAN580-ZmMDR1-GFP质粒加入100  $\mu$ L原生质体悬液中,再加入等体积的PEG溶液,轻柔混匀,室温避光静置15 min后加入440  $\mu$ L W5溶液稀释,终止反应。常温下100g离心3 min,收集原生质体溶液,用1 mL W5溶液清洗2次后加入1 mL W5溶液,混匀,室温下避光静置过夜诱导。最后在激光共聚焦显微镜下观察ZmMDR1-GFP融合蛋白亚细胞的定位情况。

## 2 结果与分析

### 2.1 *Zmmdr1*突变体的突变方式

为了检测*Zmmdr1*突变体的突变方式,分别提取野生型B73和*Zmmdr1*突变体材料的基因组DNA,使用*ZmMDR1*特异性扩增引物对该基因进行PCR扩增。电泳检测结果(图1(a))显示,PCR扩增条带与预期条带大小一致。通过Sanger测序分析发现:相

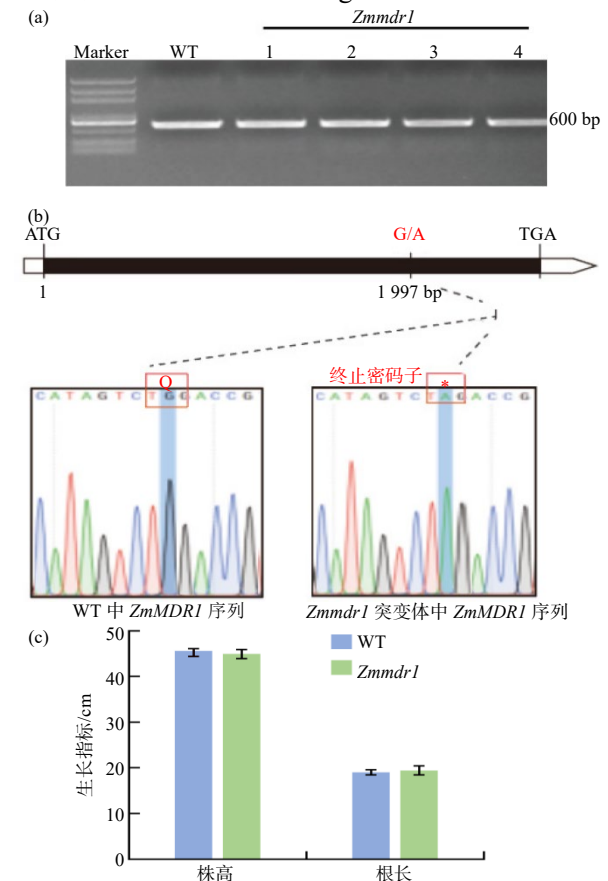


图1 B73野生型与*Zmmdr1*突变株系的突变位点鉴定结果

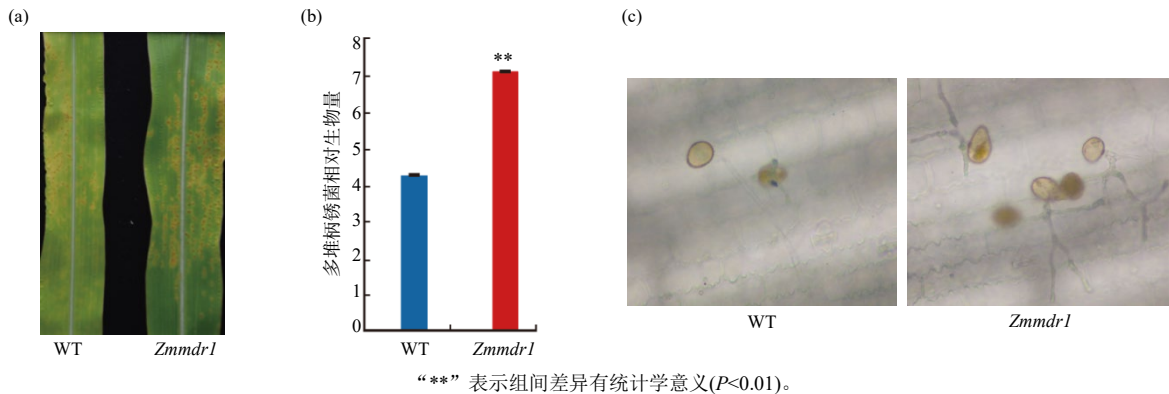
Fig. 1 Identification results of mutation sites in B73 wild-type and *Zmmdr1* mutant lines

于野生型中的 *ZmMDR1* 序列, *Zmmdr1* 突变体序列中该基因 1 997 bp 处的碱基 G 转换为碱基 A, 导致翻译提前终止(图 1(b))。野生型与 *Zmmdr1* 突变体 9 叶龄幼苗的株高和根长无显著差异(图 1(c))。

## 2.2 *Zmmdr1* 突变体的玉米南方锈病抗性鉴定

人工接种玉米南方锈病病原菌(多堆柄锈菌) 11 d 后, 野生型植株叶片表面孢子量较少, *Zmmdr1*

突变体植株叶片表面孢子量显著增加, 叶片布满孢子堆(图 2(a)), 这说明 *Zmmdr1* 突变体植株相较于野生型植株对玉米南方锈病更易感病。病原菌生物量检测结果表明, 突变体植株的病原菌生物量明显高于野生型植株的(图 2(b))。多堆柄锈菌侵染 12 h 后, *Zmmdr1* 叶片上的孢子菌丝扩展更长(图 2(c))。综上, *ZmMDR1* 是一个潜在的玉米南方锈病抗性基因。



(a) 突变体和野生型植株叶片室内接种玉米南方锈病病原菌后的抗性鉴定结果; (b) 玉米南方锈病病原菌生物量检测结果( $n=16$ ); (c) 多堆柄锈菌侵染 12 h 后, 野生型与 *Zmmdr1* 突变体植株叶片上的孢子萌发情况

图 2 *Zmmdr1* 突变体的玉米南方锈病抗性鉴定

Fig. 2 Resistance identification of *Zmmdr1* mutant to southern corn rust

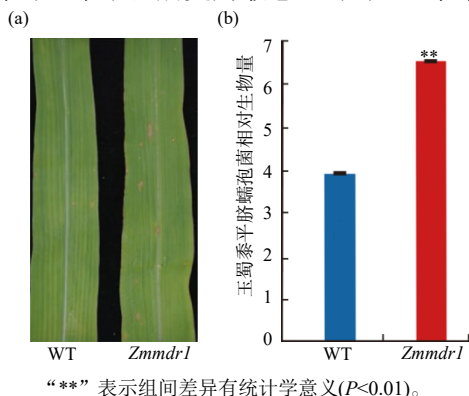
## 2.3 *Zmmdr1* 突变体的玉米小斑病抗性鉴定

于温室中人工接种玉米小斑病病原菌(玉蜀黍平脐蠕孢菌) 11 d 后观察发病表型, 结果显示: 野生型植株叶片发病较轻, 仅有少量病斑, 而 *Zmmdr1* 突变体植株叶片表面可见明显的小斑病病斑, 病斑数量明显多于野生型的(图 3(a)), 说明 *Zmmdr1* 突变体植株对玉米小斑病更为敏感。对野生型植株发病

叶片和 *Zmmdr1* 突变体植株发病叶片进行病原菌的生物量检测, 发现 *Zmmdr1* 突变体的病原菌生物量相较于野生型的极显著增多(图 3(b))。综上, *ZmMDR1* 是一个潜在的玉米小斑病抗性基因。

## 2.4 野生型和突变体的 ROS 水平检测

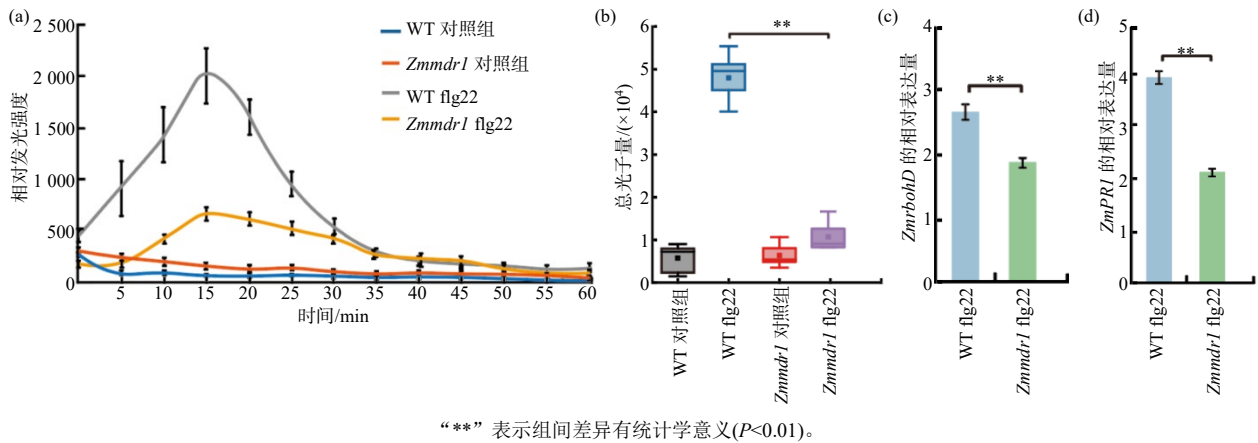
为了解析 *ZmMDR1* 基因的抗病分子机制, 使用 flg22 处理野生型和 *Zmmdr1* 突变体植株, 检测了野生型和 *Zmmdr1* 突变体的免疫响应情况。在对照组中, 野生型与 *Zmmdr1* 突变体的 ROS 迸发趋势相似(图 4(a))。经 flg22 诱导处理后, 野生型与 *Zmmdr1* 突变体的 ROS 迸发程度和总光子量均显著提升, 但相较于野生型, *Zmmdr1* 突变体的 ROS 迸发强度较弱, 总光子量增幅更低(图 4(b))。经 flg22 诱导后, 使用 qRT-PCR 方法检测野生型和 *Zmmdr1* 突变体中的 *ZmrbobD* 和 *ZmPRI* 基因的相对表达量, 结果(图 4(c) 和图 4(d))显示, 经 flg22 诱导后, 野生型植株中的 *ZmrbobD* 和 *ZmPRI* 基因相对表达量明显高于 *Zmmdr1* 突变体的, 说明 *ZmMDR1* 基因参与调控 *ZmrbobD* 和 *ZmPRI* 基因介导的免疫应答过程。



(a) 突变体和野生型叶片室内接种玉米小斑病病原菌后的抗性鉴定结果; (b) 玉米小斑病病原菌的生物量( $n=16$ )

图 3 *Zmmdr1* 突变体的玉米小斑病抗性鉴定结果

Fig. 3 Resistance identification of *Zmmdr1* mutant to maize southern leaf blight



“\*\*”表示组间差异有统计学意义( $P < 0.01$ )。

- (a) 野生型和*Zmmdr1*突变体在flg22处理后60 min内触发ROS信号的动态变化; (b) 野生型和*Zmmdr1*突变体触发ROS信号后的总光子量;  
(c) flg22诱导后野生型和*Zmmdr1*突变体中*ZmrbobD*的相对表达量; (d) flg22诱导后野生型和*Zmmdr1*突变体中*ZmPR1*的相对表达量

图4 flg22诱导后野生型和*Zmmdr1*突变体中ROS信号动态检测结果

Fig. 4 Dynamic detection of ROS signal in wild-type and *Zmmdr1* mutant after flg22 induction

## 2.5 ZmMDR1的亚细胞定位

为了进一步研究*ZmMDR1*的基因功能,在玉米原生质体系统中分析*ZmMDR1*蛋白的亚细胞定位,结果(图5)显示,*ZmMDR1*-GFP荧光信号出现在细

胞膜上,而对照GFP的荧光信号出现在细胞核及细胞质上。推测*ZmMDR1*蛋白定位于细胞膜上,可能在细胞膜上参与抗病相关的生物学过程。

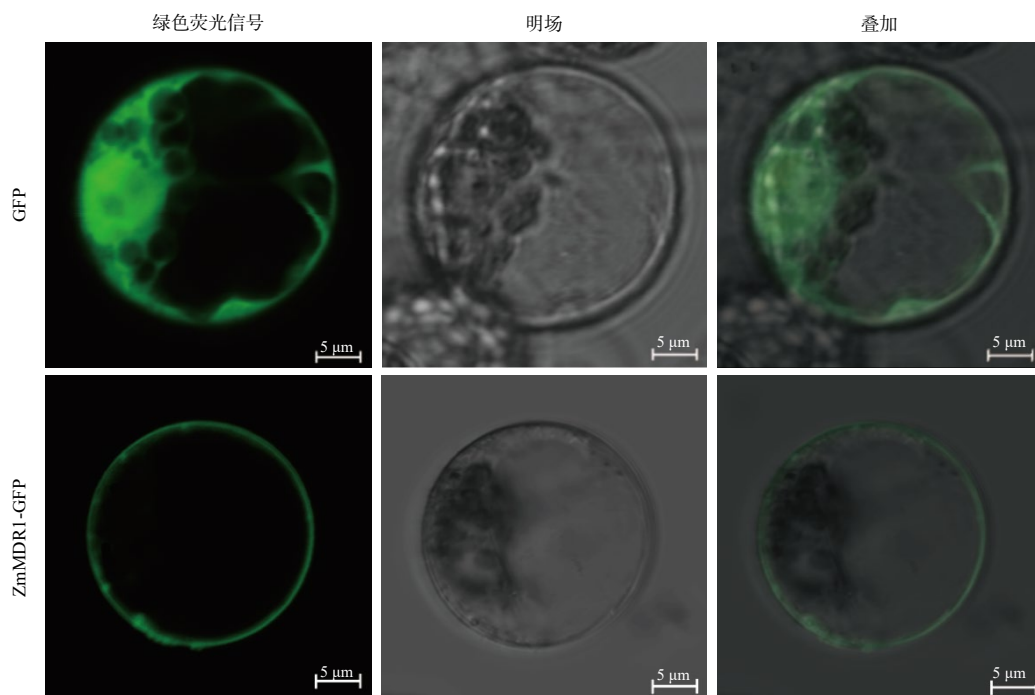


图5 *ZmMDR1*蛋白亚细胞定位

Fig. 5 Subcellular localization of *ZmMDR1* protein

## 3 结论与讨论

黄淮海地区夏玉米种植面积达1 300万 $\text{hm}^2$ /年,是我国夏播玉米的主要优势产区之一。近年来由于气候变化,玉米南方锈病和玉米小斑病已经成为影响该区域玉米生产的重要病害。这2种真菌病害暴

发快、传播广、危害大,传统的化学防治效果甚微。目前,玉米南方锈病和玉米小斑病的主效抗病基因由于新小种的出现已经逐渐失去抗性,因此发掘新的抗病基因资源十分重要。本研究对*ZmMDR1*基因的玉米南方锈病和玉米小斑病抗病功能进行了研究。结果表明,相较于野生型植株,*Zmmdr1*突变体

对玉米南方锈病和玉米小斑病的抗性显著降低,表明*ZmMDR1*基因在玉米抗南方锈病和玉米小斑病的过程中发挥了重要作用,初步证明了*ZmMDR1*是1个潜在的多抗基因。

尽管本研究在玉米苗期评估了*ZmMDR1*的抗病表型,并揭示了其在早期响应中介导ROS积累的潜在作用,但苗期表型不能完全代表成株期的抗病性表现。植物在不同发育阶段的免疫响应机制可能存在明显差异,尤其是在激素信号通路、组织结构发育和代谢状态等方面可能发生显著变化。成株期植株的抗病性还可能受到环境因素、病原侵染压力以及组织分化程度等因素的共同影响。因此,本文基于苗期表型的研究结果虽为*ZmMDR1*抗病功能提供了初步证据,但其在整个生育期及在田间条件下的抗病功能仍需进一步验证。系统地评估*ZmMDR1*在不同发育阶段、不同环境条件下的抗病调控机制,将是后续研究的重要方向。

活性氧(ROS)是细胞代谢过程中产生的一类高活性分子,包括多种有机、无机过氧化物。在玉米的PTI免疫过程中,ROS迸发是其响应病原微生物侵染的标志,它能直接影响病原菌并诱导植物细胞程序性死亡,从而限制病原菌的生长。在本研究中,通过ROS动态检测和*ZmrbohD*的表达分析,发现*Zmmdr1*突变体植株的ROS迸发水平和*ZmrbohD*基因表达量均显著低于野生型植株的,推测*ZmMDR1*可能直接或间接调控NADPH氧化酶活性。经flg22处理后,*Zmmdr1*突变体植株中的PTI标志基因*ZmPRI*的相对表达量显著低于野生型的,推测*ZmMDR1*可能通过增强ROS迸发或稳定FLS2-BAK1受体复合物的方式来正向调控PTI,这与拟南芥中EDS1-PAD4-ADR1模块通过协同PTI和ETI途径增强免疫的机制类似<sup>[26]</sup>。FER家族基因在不同植物组织中广泛表达,其在植物免疫方面呈现双向调控特性,说明该家族成员在不同物种或组织中可能存在功能分化。在大豆中,GmLMM1与flg22受体FLS2及其共受体BAK1相互作用,负调控flg22诱导的FLS2-BAK1复合体的形成,进而抑制flg22信号通路<sup>[27]</sup>。在拟南芥中,RALF23-FER-MYC2信号模块的研究结果揭示了FER信号网络能够拮抗病原菌毒素COR诱导的宿主感病反应<sup>[25]</sup>。

膜蛋白在植物免疫调控中发挥重要作用。植物

细胞膜受体蛋白(如RXEG1)通过识别真菌病原菌分泌的核心致病因子(如XEG1),触发免疫信号通路,并启动多层次防御反应<sup>[28]</sup>。另外,膜蛋白还参与囊泡运输过程,通过内吞等途径将抗菌蛋白或代谢物运送至病原菌侵染位点<sup>[29]</sup>。病原菌则通过分泌效应蛋白<sup>[30]</sup>、形成生物膜等方式逃逸细胞膜介导的免疫防御<sup>[31]</sup>。本研究结果显示,*ZmMDR1*蛋白定位于细胞膜,具有典型膜蛋白的特征。据此推测,*ZmMDR1*的抗病机制可能涉及效应子识别过程。尽管其相关机制仍需实验证实,但这一推测为后续阐明*ZmMDR1*的抗病分子机理提供了新的研究思路。目前,针对玉米南方锈病和玉米小斑病已克隆的抗病基因和种质资源相对较少。研究表明,*ZmMDR1*基因具有一定的抗病性,通过转基因技术或基因编辑技术可以为玉米南方锈病和玉米小斑病抗病育种提供新的抗病种质资源。另外,*ZmMDR1*为膜蛋白,可以利用靶向膜蛋白的分子育种技术进行抗病种质创新和绿色农业病害防治。

#### 参考文献:

- [1] 马文峰. 适度发展玉米深加工产业, 促进玉米产业链高质量发展[J]. 粮食加工, 2023, 48(1): 1-6.
- [2] YANG Q, BALINT-KURTI P, XU M L. Quantitative disease resistance: dissection and adoption in maize[J]. Molecular Plant, 2017, 10(3): 402-413.
- [3] MUELLER D S, WISE K A, SISSON A J, et al. Corn yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada from 2012 to 2015[J]. Plant Health Progress, 2016, 17(3): 211-222.
- [4] MUELLER D S, WISE K A, SISSON A J, et al. Corn yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2016 to 2019[J]. Plant Health Progress, 2020, 21(4): 238-247.
- [5] WANG S, ZHANG R Y, SHI Z, et al. Identification and fine mapping of *RppM*, a southern corn rust resistance gene in maize[J]. Frontiers in Plant Science, 2020, 11: 1057.
- [6] 王振营, 王晓鸣. 我国玉米病虫害发生现状、趋势与防控对策[J]. 植物保护, 2019, 45(1): 1-11.
- [7] LV M, DENG C, LI X Y, et al. Identification and fine-mapping of *RppCML496*, a major QTL for resistance to *Puccinia polysora* in maize[J]. The Plant Genome, 2021, 14(1): e20062.
- [8] ZHAO P F, ZHANG G B, WU X J, et al. Fine mapping of *RppP25*, a southern rust resistance gene in maize[J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2013, 55(5): 462-472.

- [9] ZHANG Y, XU L, ZHANG D F, et al. Mapping of southern corn rust-resistant genes in the W2D inbred line of maize (*Zea mays* L. ) [J]. *Molecular Breeding*, 2010, 25(3): 433–439.
- [10] WU X J, LI N, ZHAO P F, et al. Geographic and genetic identification of *RppS*, a novel locus conferring broad resistance to southern corn rust disease in China [J]. *Euphytica*, 2015, 205(1): 17–23.
- [11] CHEN C X, WANG Z L, YANG D E, et al. Molecular tagging and genetic mapping of the disease resistance gene *RppQ* to southern corn rust [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 108(5): 945–950.
- [12] ZHOU C J, CHEN C X, CAO P X, et al. Characterization and fine mapping of *RppQ*, a resistance gene to southern corn rust in maize [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2007, 278(6): 723–728.
- [13] PRATT R C, GORDON S G. *Breeding for Resistance to Maize Foliar Pathogens* [M] // *Plant Breeding Reviews*. Hoboken, New Jersey: John Wiley & Sons, 2005.
- [14] HOLLAND J B, UHR D V, JEFFERS D, et al. Inheritance of resistance to southern corn rust in tropical-by-corn-belt maize populations [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 96(2): 232–241.
- [15] ULLSTRUP A J. Inheritance and linkage of a gene determining resistance in maize to an American race of fuccinia polysora [J]. *Phytopathology*, 1965, 55: 425–428.
- [16] DENG C, LEONARD A, CAHILL J, et al. The *RppC-AvrRppC* NLR-effector interaction mediates the resistance to southern corn rust in maize [J]. *Molecular Plant*, 2022, 15(5): 904–912.
- [17] CHEN G S, ZHANG B, DING J Q, et al. Cloning southern corn rust resistant gene *RppK* and its cognate gene *AvrRppK* from *Puccinia polysora* [J]. *Nature Communications*, 2022, 13: 4392.
- [18] CHEN C, ZHAO Y Q, TABOR G, et al. A leucine-rich repeat receptor kinase gene confers quantitative susceptibility to maize southern leaf blight [J]. *New Phytologist*, 2023, 238(3): 1182–1197.
- [19] CHEN G S, XIAO Y J, DAI S, et al. Genetic basis of resistance to southern corn leaf blight in the maize multi-parent population and diversity panel [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2023, 21(3): 506–520.
- [20] YANG Q, HE Y J, KABAHUMA M, et al. A gene encoding maize caffeoyl-CoA O-methyltransferase confers quantitative resistance to multiple pathogens [J]. *Nature Genetics*, 2017, 49(9): 1364–1372.
- [21] ZHAO Y Z, LU X M, LIU C X, et al. Identification and fine mapping of *rhm1* locus for resistance to southern corn leaf blight in maize [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2012, 54(5): 321–329.
- [22] CHEUNG A Y. FERONIA: a receptor kinase at the core of a global signaling network [J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2024, 75(1): 345–375.
- [23] STEGMANN M, MONAGHAN J, SMAKOWSKA-LUZAN E, et al. The receptor kinase FER is a RALF-regulated scaffold controlling plant immune signaling [J]. *Science*, 2017, 355(6322): 287–289.
- [24] DUAN Q H, LIU M J, KITA D, et al. FERONIA controls pectin- and nitric oxide-mediated male-female interaction [J]. *Nature*, 2020, 579(7800): 561–566.
- [25] GUO H Q, NOLAN T M, SONG G Y, et al. FERONIA receptor kinase contributes to plant immunity by suppressing jasmonic acid signaling in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Current Biology*, 2018, 28(20): 3316–3324. e6.
- [26] PRUITT R N, LOCCI F, WANKE F, et al. The EDS1-PAD4-ADR1 node mediates *Arabidopsis* pattern-triggered immunity [J]. *Nature*, 2021, 598(7881): 495–499.
- [27] WANG D M, LIANG X X, BAO Y Z, et al. A malectin-like receptor kinase regulates cell death and pattern-triggered immunity in soybean [J]. *The EMBO Reports*, 2020, 21(11): EMBR202050442.
- [28] SUN Y, WANG Y, ZHANG X X, et al. Plant receptor-like protein activation by a microbial glycoside hydrolase [J]. *Nature*, 2022, 610(7931): 335–342.
- [29] ZHAO Z, LI M, ZHANG H, et al. Comparative proteomic analysis of plasma membrane proteins in rice leaves reveals a vesicle trafficking network in plant immunity that is provoked by blast fungi [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 853195.
- [30] WEI W, XU L S, PENG H, et al. A fungal extracellular effector inactivates plant polygalacturonase-inhibiting protein [J]. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 2213.
- [31] DU X Y, LI P Y, FAN C Q, et al. Holliday junction resolvase RuvC targets biofilm eDNA and confers plant resistance to vascular pathogens [J]. *Nature Plants*, 2024, 10(11): 1710–1723.

责任编辑: 毛友纯

英文编辑: 罗 维