



当前位置：首页 > 新闻动态 > 科研动态

东北地理所在大豆对线虫抗性研究领域取得重要进展

来源：农田有害生物控制学科组

发布时间：2022-06-09 | 【大 中 小】

大豆孢囊线虫病（SCN, *Heterodera glycines*）是制约大豆生产的全球毁灭性病害之一。大豆抗病品种应用是防治大豆孢囊线虫病最经济有效的方法，然而大豆对大豆孢囊线虫的抗性是由多基因控制并具有数量性状的特性，但抗性背景单一，线虫生理小种易发生变异，因此亟需开发多抗基因资源和培育多抗品种。农田有害生物控制学科组王从丽研究员团队在前期研究过程中筛选到一个新的大豆抗线虫育种基因型09-138（rhg1a + Rhg4b），对毒性强的生理小种（SCN4）具有抗性，但对毒性弱的生理小种（SCN5）感病（Huang等，2022, *Nematology*），为了充分利用该抗性资源，了解其抗性机制，该团队首次在大豆上利用三代全长转录组测序技术（Oxford Nanopore Technology, ONT）开展了该大豆种质对孢囊线虫亲和性（感病）和非亲和性（抗病）反应的调控机理研究。

三代全长转录组测序技术相比二代测序技术，无需打断，可直接读取全长RNA分子全长序列，准确辨别二代测序技术无法准确识别的如可变剪接（AS）、可变多聚腺苷酸化（APA）、融合基因、长链非编码RNA（lncRNA）等结构，且可同时对基因和转录本进行定量分析等优点。通过对接种8天的大豆种质09-138进行全长转录组测序及分析，共获得6.1 GB的clean data和65,038个转录本序列；转录本去冗余后鉴定得到1117个新基因和41,096个新转录本；进而对新转录本的序列结构进行分析，发现不亲和抗性反应比亲和性反应产生更多>10-PolyA位点（APA）和更多得融合基因，lncRNA和防御反应有关的转录因子相关联，AS的3'和5'剪接位点数量接种后都发生变化，说明这些结构变异参与了线虫的抗感反应。差异表达基因（DEGs）的GO（Gene Ontology）和代谢通路KEGG（Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes）分析结果显示抗感线虫侵染后富集于生长激素、生长素激活信号通路和多维细胞生长通路以及苯丙烷生物合成通路（图1）；在非亲和反应中发现更多的与应激反应元件（图2）、植物激素信号转导途径和植物-病原菌互作途径相关的DEGs上调表达（图1），而在亲和性反应中检测到更多与细胞壁修饰和碳水化合物生物过程相关的上调基因表达；结合DEGs的蛋白质-蛋白质互作分析首次发现线虫侵染大豆根部后只有不亲和反应激起激酶MAPK/KK/KKK、转录因子WRKY和钙调蛋白VQ之间互作参与抗性防御调控（模型如图3）。本研究获得的AS、APA和lncRNA为植物-线虫相互作用过程中转录后修饰的功能研究提供理论基础，且大豆与大豆孢囊线虫间亲和性和非亲和性互作的分子机制将有助于解析其他植物与线虫互作的分子机理，进一步的功能研究将有助于探索线虫防治的新策略。

该研究成果于近期发表在国际期刊Frontiers in Plant Science上。黄铭慧助理研究员和姜野博士研究生为共同第一作者，李春杰研究员和王从丽研究员为共同通讯作者。该研究得到中国科学院先导专项和国家自然科学基金资助。

论文信息：

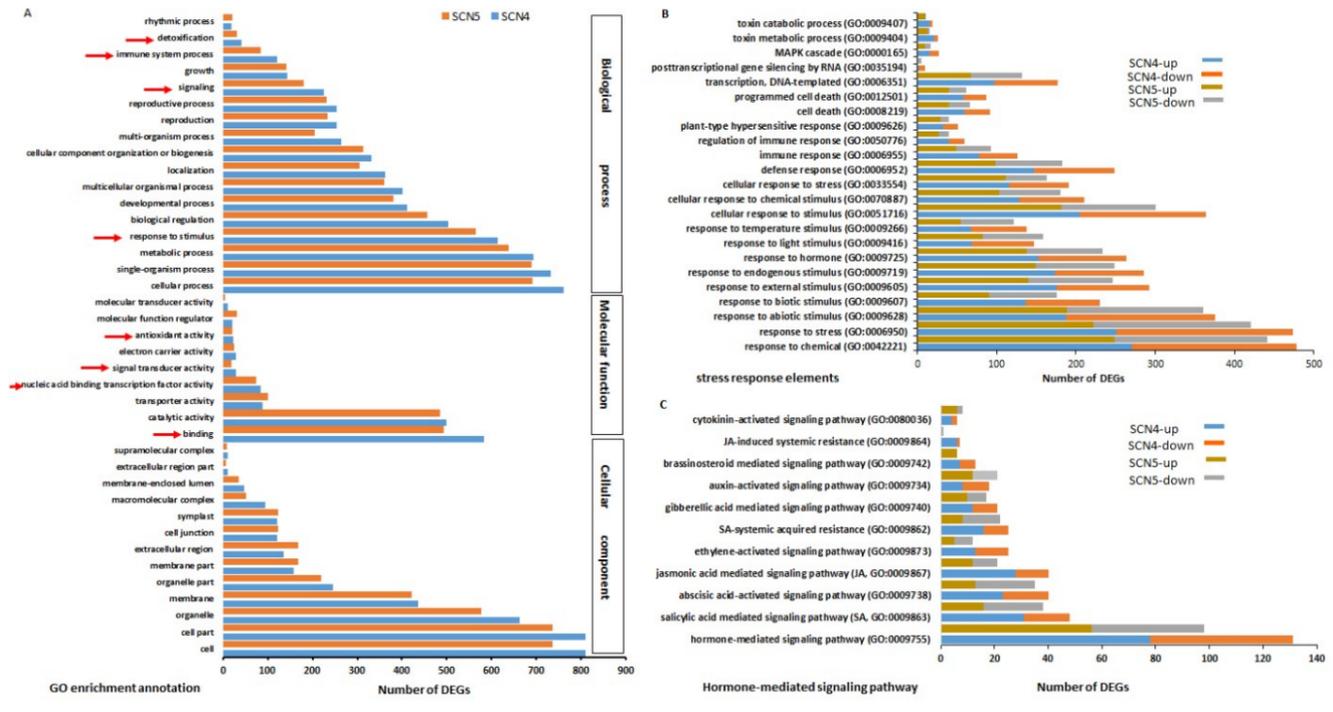


图2 抗病与感病反应中差异表达基因的GO注释

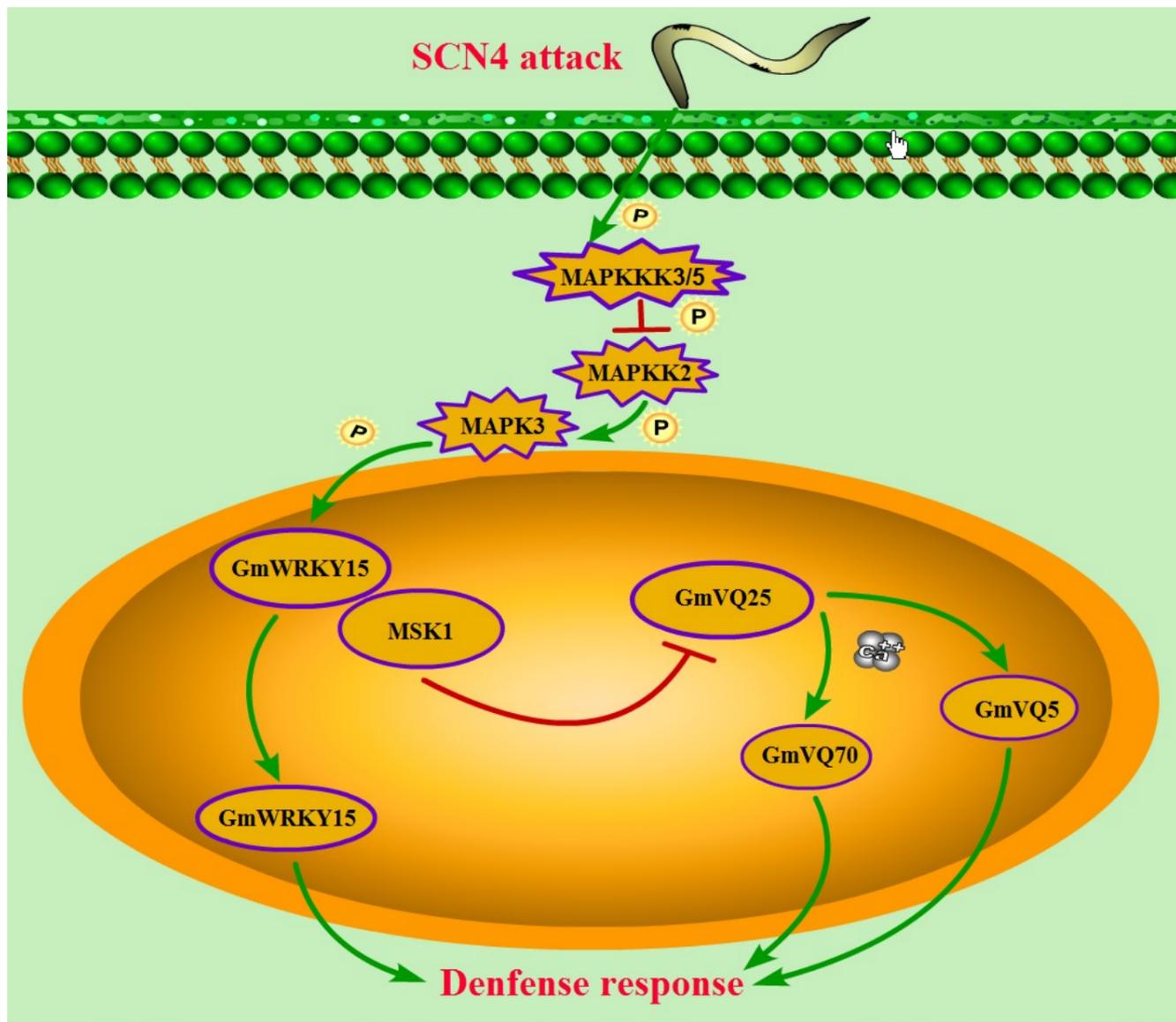


图3 大豆孢囊线虫侵染大豆不亲和反应激起MAPK-WRKY-VQ互作防御反应

