多组学研究揭示水稻第一道免疫防线调控网络

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15527.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

多组学研究揭示水稻第一道免疫防线调控网络。近日，中国农业科学院植物保护研究所作物有害生物功能基因组研究创新团队通过多组学分析构建了水稻第一道免疫反应多层次调控图谱，为理解植物抗病过程提供了重要参考。相关研究成果发表在《植物生物技术杂志》(Plant Biotechnology Journal)。

据刘文德研究员介绍，病原菌表面的一些分子可被植物细胞壁上的特定受体识别，诱导植物一系列防御反应来阻止病原菌入侵，称为病原相关分子模式触发的免疫（PTI）。其中，真菌来源的几丁质（chitin）和细菌来源的flg22多肽是两类常见的病原相关分子，其诱发的PTI反应为植物的非特异性免疫，是植物抵御大多数病原菌侵染的第一道防线。

研究人员整合了代谢组、转录组、蛋白质组、泛素化组和乙酰化组数据，阐明了水稻对真菌几丁质和细菌多肽产生的病原相关分子的PTI免疫响应机制。

通过对比发现，几丁质触发的PTI反应在转录和翻译水平上与多肽更为相似，但在翻译后修饰水平和代谢水平上与多肽不同且更为强烈。两种病原相关的分子处理导致水稻mRNA和蛋白质丰度之间存在不一致，而蛋白质翻译后修饰调节可能在这种差异中发挥关键作用。

此外，水稻中的亚油酸代谢和α-
亚麻酸代谢途径很可能受到flg22的特异性诱导。该研究结果对指导水稻抗病育种具有重要意义。

该研究得到中国农业科学院农业科技创新工程的资助。（来源：中国科学报李晨 欧阳灿彬）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/pbi.13688

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：刘文德等 来源：《植物生物技术杂志》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发