土壤里的协同进化悄然改变番茄“命运”

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/40407.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！

土壤里的协同进化悄然改变番茄“命运”。走进一片番茄田，你或许会发现一个奇怪的现象，病恹恹的植株旁可能就紧挨着健康的植株，二者交错分布，没有明显规律。这种斑块状的土壤生物障碍（由土传病原物引起的作物健康问题）发生格局，长期以来困扰着农业科研工作者。



田间发生的斑块化番茄青枯病。受访者供图

以往研究多将其归因于土壤水分、温度差异，或有益菌群的缺失，但这些解释始终不够完整。

6月12日，《自然—微生物》在线发表了南京农业大学教授韦中团队的最新研究成果。这项研究将细菌学、病毒学、生态学与进化遗传学深度融合，首次在田间尺度上建立了噬菌体—病原青枯菌协同进化→抗性—毒力权衡→生物障碍斑块分布这一完整因果链条，为理解和调控农业土壤生物障碍提供了崭新视角。

番茄田里肉眼不可见的‘军备竞赛’——噬菌体与病原青枯菌之间持续的协同进化，才是塑造生物障碍分布格局的幕后推手。论文通讯作者韦中告诉《中国科学报》。

噬菌体：土壤里无处不在的猎手

噬菌体是专性侵染细菌的病毒，在自然界中数量极为庞大，是细菌最主要的天敌之一。韦中介绍，在试验室条件下，已有大量研究展示了噬菌体对细菌密度和进化动态的调控作用，但在土壤等复杂的生态系统中，这种互作如何影响植物健康，目前知之甚少。

由青枯菌引起的土壤生物障碍，是全球范围内危害最严重的植物土传细菌性病害，该病菌可侵染番茄、辣椒、马铃薯等多种重要经济作物，造成严重减产。

前期研究表明，感染青枯菌的噬菌体能够直接裂解病原菌、降低其密度，进而抑制土壤生物障碍发生；同时还能通过调节根际微生物群落间接促进植物健康。

韦中强调，事实上，噬菌体与细菌的互作远不止于简单的捕食关系。在土壤这一高度空间异质性的环境中，局部的物理化学条件（如土壤质地、孔隙度、水分梯度）将不同微生物种群分隔为半封闭的微域，使得噬菌体与细菌在各自微域内独立进化。

论文第一作者、南京农业大学教授王孝芳解释说，随着世代的积累，双方逐渐磨合出彼此高度专一的识别与反识别机制，形成生态学上所称的协同进化军备竞赛。这场竞赛的结果，不仅改变了微观层面的噬菌体侵染率和细菌抗性，还可能在更大尺度上重塑土壤生态功能与生物障碍发生格局——而这正是该研究的出发点。

更深层次的问题在于：噬菌体对青枯菌施加的选择压力，会不会改变病原菌的致病性？这种改变，是否足以在田间尺度上解释青枯菌生物障碍的斑块状分布？这正是我们着力回答的核心科学问题。韦中说。

2014年，王孝芳以直博生的身份进入实验室，正为课题方向犯难时，刚入职英国约克大学的助理教授Ville-Petri Friman来访。韦中把实验室擅长的土传青枯病研究和Friman的噬菌体专长一拼，一个在国内农业领域几乎还是空白的方向就此浮出水面：研究根际土壤噬菌体—青枯菌群体互作。王孝芳还没有明白背后的挑战，就稀里糊涂地接过了这个课题。

55296组互作：从田野到基因组的系统整合

方向定了，但是缺青枯菌和噬菌体。最初，团队在南京的温室大棚里分离出了一批青枯菌和噬菌体，但数量远不够做大规模的互作研究。

于是，他们选择了中国四个地理上相互隔离的番茄种植田块（南京、宁波、南昌、南宁）开展了系统性调查。构建了规模庞大的跨场景互作矩阵，系统量化了青枯菌的噬菌体抗性与噬菌体的侵染能力。

2015年5月，云南、浙江宁波、江西南昌、广西南宁、湖南长沙……前后两个多月，他们走遍了南方主要番茄产区。

王孝芳说，这段经历用狼狈二字形容最为贴切：在火车站被安检人员盯着采样工具盘问，只能慌乱解释；拎着装满土壤样品的袋子追赶快要关门的火车；满身泥泞挤上车厢，又引来周围旅客侧目。

至今，王孝芳特别感慨：每一份样品，我们都低温保存。这个细节，多年后成了救命稻草。原来，投稿期间，审稿人要求补充所有采样地点的宏病毒组数据——这意味着需要对那批2015年的原始样品重新进行测序。彼时距采样已过去整整十年，实验室冰箱经历了一轮又一轮清理，但那批样品奇迹般地活了下来。送测、分析、补充，最终结果得到了审稿人的认可。保存样品，真的是一件值得反复强调的事。王孝芳说。

然而采样结束，接下来是庞杂的分离工作。他们从每块田12株植物（健株与病株）的根际土壤中，分离了1152株青枯菌和48个噬菌体种群。按照实验设计，每株菌都要和每个噬菌体检测一次互作，也就是1152×48=55296组互作。

王孝芳说，如果按每天完成36株×48个噬菌体的节奏，光做完这批实验就要一个多月，这还不算每天配培养基、倒平板、点样、活化下一批菌株的额外工作量。

韦中当机立断：整合全实验室人力，本科生也上阵。一周后，这55296组互作全部完成。数据出来时，我们真的很惊喜。不同地区的噬菌体和青枯菌之间，互作模式确实存在显著差异，与我们对‘原位局部适应’的预期高度吻合。韦中解释说，噬菌体对同域细菌的侵染能力显著高于对异域细菌的侵染能力，而细菌对同域噬菌体的抗性则更低。

这一模式在南京、南昌、南宁等地尤为显著，表明不同田块中噬菌体—细菌互作已沿着各自轨迹独立进化。

进一步检测代表性青枯菌菌株的致病性后，结论更耐人寻味。来自健康植株的菌株，其毒力普遍低于来自病株的菌株。抗性高的菌株，不仅毒力弱，还表现出更低的生长速率，表明抗性突变带来的适合度代价是多维度的，涵盖了侵染能力、生长竞争力等多个方面。这是一个漂亮的进化权衡：细菌在应对天敌的军备竞赛中，付出了毒力代价。王孝芳说。

手握这批数据，我们反而陷入了迷茫：下一步该怎么走？韦中说。而这时，一个更简单的平行思路跳了出来：既然已经积累了来自多个地方的噬菌体，不如先做一个组合应用的实验——看看不同噬菌体搭配起来，消减土壤青枯菌生物障碍的效果如何，以及它们对根际土壤微生态的影响。利用噬菌体组合提升抑病效果的研究时有报道，但是噬菌体对病原菌所处环境的微生物群落结构和功能的影响还鲜有研究，值得一做。

这个噬菌体鸡尾酒的研究成果，2019年发表在《自然—微生物》。副产品有时比主线更先到达终点。王孝芳说。

理解并善用微观演化博弈

博士毕业那年，王孝芳以人才引进副教授的身份留在了课题组，带着对青枯菌—噬菌体协同进化这条主线的执念，等待重启的时机。只是没想到，新冠肺炎疫情来了，孩子也来了，日常工作也

比博士生阶段更忙了，这条线就这么搁了好几年。

2023年，这项工作终于重新启动。这一次，他们增加了一个新角度——从泛基因组出发，系统挖掘青枯菌中抗噬菌体防御系统的多样性，试图在基因组层面找到噬菌体施压留下的军备痕迹。

同时，通过基因组重测序，锁定噬菌体选择压力下的突变位点，并与西南大学教授张勇课题组合作构建突变体，在功能层面验证了这些突变对抗性与毒力的影响。

基于田间观测建立的协同进化假说，终于有了分子机制层面的支撑。韦中说。纵观整个实验设计，他们花了十多年时间，对80株青枯菌进行了全基因组测序，解析抗噬菌体防御系统的多样性；在温室中开展了致病力试验，评估不同菌株的毒力；并设计了为期45天的根际共进化试验，在番茄根际中让青枯菌与噬菌体共进化，追踪菌株的适应性突变与性状变化。

这一多层次、多尺度的研究框架，让我们得以将田间观察、基因组分析与试验因果验证有机结合。韦中说。

这一次，他们又将论文投给了《自然—微生物》。审稿意见都非常支持，不过也提了一个非常棘手的问题：缺少组学数据，无法刻画健康与发病根际青枯菌专性噬菌体群落的整体面貌。

于是，他们想起了那批沉睡在冰箱里、已有十年历史的土壤样品。送测宏病毒组、数据分析、结果整合……这一补充实验，成为整个故事最关键的拼图，也印证了十年前那个好好保存样品的决定有多重要。修回后，审稿人认可了我们的结论。

这项研究揭示了一条此前未被充分认识的生态机制链条，也为噬菌体消减土壤生物障碍策略的优化提供了重要启示：使用同域噬菌体，与本地菌株高度适配的噬菌体具有更强的侵染能力，可减少水土不服带来的防治失效；设计多噬菌体鸡尾酒，混合来自不同田块的噬菌体，可扩大侵染谱系，同时提高细菌进化出多重抗性的难度；重新审视抗性进化的威胁，噬菌体驱动的抗性进化往往伴随毒力下降，即便病原菌进化出抗性，其对作物的危害程度也可能随之降低——噬菌体作用并不因抗性出现而失效；开展跨季节动态监测，将有助于揭示协同进化脉冲与生物障碍年际波动之间的定量关系，为精准预警和适时投放噬菌体提供科学依据。

韦中表示，未来他们还将探讨若干开放性问题：在大数据和人工智能时代，我们能否基于土壤复杂的DNA信息，快速鉴定病原菌，并基于基因片段信息精准设计高效的噬菌体组合？土壤中的其他生物如何参与并塑造噬菌体—病原菌—植物这场三方博弈？而这些问题的回答，需要将噬菌体—细菌协同进化置于更完整的食物网生态框架中加以研究。

理解并善加利用这场微观演化博弈，将是未来农业土壤生物健康调控从经验走向精准的关键一步。韦中说。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41564-026-02373-9

作者：韦中等 来源：《自然—微生物》

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