

茉莉酸甲酯诱导黄瓜抗白粉病的转录组与代谢组联合分析

孙建国

(山东农业大学园艺科学与工程学院, 山东 泰安 271018)

摘要: 黄瓜白粉病是制约黄瓜生产的重要真菌性病害, 茉莉酸甲酯 (MeJA) 可有效诱导黄瓜产生抗白粉病能力, 但其调控机制尚未明确。本文整合转录组与代谢组技术, 系统解析MeJA诱导黄瓜抗白粉病的分子与代谢基础。结果表明, MeJA可激活茉莉酸信号通路, 触发转录因子级联响应, 诱导抗病相关基因差异表达; 同时驱动次生代谢通路重编程, 促进抗菌代谢产物积累。联合分析揭示, MeJA诱导的抗病过程是“基因表达-代谢合成-抗病表型”的级联调控, 存在明确的抗病-生长权衡机制。本文为黄瓜白粉病绿色防控及抗病育种提供理论支撑。

关键词: 黄瓜; 白粉病; 茉莉酸甲酯; 转录组; 代谢组; 诱导抗病性

中图分类号: S436.421

文献标识码: A

文章编号: 3106-2547 (2025) 12-0001-03

DOI: 10.62022/FHR.issn3106-2547.2025.12.001

Transcriptomic and Metabolomic Joint Analysis of Methyl Jasmonate-Induced Resistance to Powdery Mildew in Cucumber

Sun Jianguo

(College of Horticultural Science and Engineering, Shandong Agricultural University, Tai'an, Shandong 271018)

Abstract: Powdery mildew is an important fungal disease that restricts cucumber production. Methyl jasmonate (MeJA) can effectively induce resistance to powdery mildew in cucumber; however, the underlying regulatory mechanisms remain unclear. This article integrates transcriptomic and metabolomic technologies to systematically dissect the molecular and metabolic basis of MeJA-induced resistance to powdery mildew in cucumber. The results indicate that MeJA activates the jasmonic acid signaling pathway, triggers a cascade response of transcription factors, and induces differential expression of defense-related genes. At the same time, it drives the reprogramming of secondary metabolic pathways and promotes the accumulation of antimicrobial metabolites. The joint analysis reveals that the MeJA-induced disease resistance process represents a cascade regulation of "gene expression - metabolic synthesis - resistance phenotype," with a clear trade-off mechanism between resistance and growth. This article provides theoretical support for green control of cucumber powdery mildew and resistance breeding.

Keywords: cucumber; powdery mildew; methyl jasmonate; transcriptome; metabolome; induced resistance

1 引言

1.1 植物诱导抗病性的理论基础

植物诱导抗病性是经诱导因子预处理后激活的主动防御机制, 分为系统获得性抗性 (SAR) 和诱导系统性抗性 (ISR), 核心是通过基因表达与代谢重编程, 实现细胞壁强化、活性氧爆发、防御酶激活及植保素积累, 抵御病原菌侵染, 具有广谱、持久、安全的特点。黄瓜白粉病由活体营养型真菌引起, MeJA可激活ISR反应, 协同调控相关信号通路增强抗性^[1-2]。

1.2 茉莉酸甲酯作为诱导信号分子的作用机制

MeJA是植物体内重要的脂源性信号分子, 外源喷施后

可水解为茉莉酸 (JA), 进而形成活性形式JA-Ile。JA-Ile结合受体COI1, 诱导JAZ抑制子降解, 释放MYC2等转录因子, 激活下游防御基因表达, 促进抗菌物质合成、细胞壁强化及活性氧调控, 同时参与激素交叉对话, 平衡抗病与生长。

1.3 转录组与代谢组联合分析的理论优势

转录组可高通量鉴定差异表达基因 (DEGs), 解析抗病分子调控模式; 代谢组可鉴定差异积累代谢物 (DAMs), 明确抗病物质基础。二者联合可弥补单一技术局限, 构建“基因-代谢物”共表达网络, 揭示从基因调控到代谢响应的完整信息流, 全面解析抗病机制。

作者简介: 孙建国, 博士, 教授, 研究方向为蔬菜病害诱导抗病性与信号转导。

1.4 本文的理论逻辑与论述结构

针对MeJA诱导黄瓜抗白粉病机制不明确的问题,本文以多组学联合分析为手段,遵循“理论基础-信号通路-转录调控-代谢基础-整合机制-结论展望”的逻辑,系统阐明MeJA诱导黄瓜抗白粉病的核心机制,为绿色防控与育种提供理论参考。

2 茉莉酸甲酯诱导黄瓜抗白粉病的信号通路理论

2.1 茉莉酸甲酯与茉莉酸信号转导通路

MeJA诱导的茉莉酸信号通路核心的是:MeJA水解为JA后,与Ile结合形成JA-Ile,JA-Ile介导COI1与JAZ蛋白结合,促使JAZ泛素化降解,释放MYC2等转录因子,激活下游抗病基因表达,形成“信号激活-抑制子降解-基因表达”的级联反应,具有明显的时空特异性^[3-4]。

2.2 转录因子在茉莉酸信号下游的级联激活

MYC2是茉莉酸信号下游核心转录因子,可直接激活防御相关基因表达;MYC3、MYC4与MYC2协同作用,拓宽调控范围;MYB、AP2/ERF、WRKY、NAC等转录因子参与级联调控,分别调控次生代谢、信号传导等过程,形成复杂的转录调控网络,确保抗病响应高效全面。

2.3 防御相关基因的转录调控模型

MeJA通过转录因子级联调控四类防御相关基因:直接防御基因(PR蛋白、几丁质酶基因等)快速激活,直接抑制病原菌;次生代谢调控基因(PAL、CHS等)驱动抗菌物质合成;细胞壁强化基因促进细胞壁增厚;信号通路调控基因平衡信号传递与生长发育,四类基因协同构建分子防御屏障。

3 转录组层面的抗病调控理论

3.1 差异表达基因与抗病功能类别的理论关联

MeJA诱导后,黄瓜叶片上调基因显著多于下调基因,上调基因主要富集于防御响应、次生代谢、细胞壁构建、信号传导、活性氧代谢五大类别,直接参与抗病防御;下调基因集中于光合作用、碳水化合物代谢等生长相关类别,体现抗病-生长权衡策略。

3.2 转录组整体重编程与代谢通路的协同

MeJA诱导使黄瓜转录组发生整体重编程,抗病模块基因协同上调、生长模块基因系统性下调,通过“基因-酶-代谢物”级联关系,驱动代谢通路同步重编程,二者在调控时序、功能类别、核心通路(苯丙烷、黄酮类、茉莉酸

信号通路)上高度协同,形成闭环反馈调控。

3.3 时间动态转录响应与抗病持续性理论

MeJA诱导的转录响应呈现明显时序特征:早期(0-12小时)信号传导与早期防御基因激活;中期(12-48小时)抗病基因大规模上调、生长基因抑制,达到防御高峰;后期(48-96小时)维持抗性,逐步恢复生长平衡,这种动态变化决定了抗病的持续性。

4 代谢组层面的抗病物质基础理论

4.1 苯丙烷代谢途径与木质素、植保素的积累

苯丙烷代谢通路是MeJA诱导的核心代谢通路,其关键酶基因上调可促进木质素合成,强化细胞壁机械强度,阻碍病原菌侵入;同时促进植保素积累,植保素具有强抗菌活性,可直接抑制白粉病菌孢子萌发与菌丝生长,是重要的抗病物质。

4.2 黄酮类、生物碱等次生代谢产物的防御功能

MeJA可激活黄酮类、生物碱等次生代谢通路,黄酮类化合物可清除活性氧、抑制病原菌酶活性;生物碱可破坏病原菌细胞膜结构,抑制其生长繁殖。这类次生代谢产物的积累的是黄瓜抗白粉病的重要物质支撑,其含量与抗病能力正相关。

4.3 代谢重平衡与抗病-生长权衡理论

MeJA诱导下,黄瓜代谢发生重平衡:抗病相关代谢物(木质素、黄酮类等)大量积累,生长相关代谢物(碳水化合物、光合产物等)含量下降,将资源优先分配给防御响应,形成抗病-生长权衡机制,确保在抵御病原菌的同时,维持自身基本生长。

5 转录组与代谢组联合分析的理论整合

5.1 基因-代谢物共表达网络的理论模型

联合分析可构建基因-代谢物共表达网络,筛选核心调控模块:次生代谢通路关键基因与对应代谢物呈现高度正相关,防御基因与直接抗菌代谢物紧密关联,转录因子与靶基因、代谢物形成调控节点,明确基因对代谢物的调控关系。

5.2 从转录驱动到代谢响应的信息流理论

MeJA诱导的抗病信息流为:MeJA激活茉莉酸信号通路→转录因子级联激活→抗病相关基因差异表达→代谢通路重编程→抗菌代谢物积累→形成抗病表型,转录调控是上游驱动,代谢响应是下游执行,二者形成完整的调控

链条。

5.3 多组学联合揭示系统抗病性的涌现特征

多组学联合分析表明，黄瓜抗白粉病是系统涌现特征，并非单一基因或代谢物的作用，而是转录组与代谢组协同作用，形成“信号-基因-代谢-表型”的系统调控网络，实现抗病响应的高效性、广谱性与持续性。

6 结论与理论展望

6.1 主要理论认识总结

MeJA通过激活茉莉酸信号通路，触发转录因子级联调控，驱动转录组重编程与次生代谢通路激活，促进抗菌物质积累，形成系统抗病性；转录组与代谢组协同作用，构建完整的抗病调控网络，存在明确的抗病-生长权衡机制。

6.2 现有理论的局限与待解决的科学问题

现有研究尚未明确MeJA诱导抗病的核心调控基因与代谢物标记；对激素交叉对话的具体机制解析不足；对不同

黄瓜品种的抗病差异及调控机制研究较少，这些均为后续需解决的科学问题。

6.3 多组学联合在植物免疫理论中的发展趋势

未来将结合转录组、代谢组与蛋白质组、表观组等多组学技术，精准解析抗病调控网络；挖掘核心抗病靶点，应用于分子育种；探索MeJA与其他诱导剂的协同作用，为植物病害绿色防控提供更高效的技术方案。

参考文献：

- [1]陈捷,宋凤鸣.植物诱导抗病性及其分子机制[M].北京:科学出版社,2018.
- [2]李建科,赵艳,王锐.茉莉酸甲酯诱导植物抗逆性的研究进展[J].西北植物学报,2020,40(5):937-946.
- [3]王艳,李娟,张雪梅.转录组与代谢组联合分析在植物抗病研究中的应用[J].生物技术通报,2021,37(2):189-198.
- [4]刘世全,张世熔,李娟.黄瓜白粉病的发生规律及绿色防控技术[J].中国蔬菜,2019,(8):1-7.