

植物发病机制：走向对微生物组的多维理解

吕天星^{1,2}, 詹成芳, 潘潜倩^{1,2}, 徐皓榕^{1,2},
方宏达^{1,2}, 王蒙岑^{1,2,3}, Haruna Matsumoto^{1,2}

¹ 浙江大学, 水稻生物学国家重点实验室&农业农村部作物病虫害分子生物学实验室

² 浙江大学农业与生物技术学院农药与环境毒理研究所, 浙江省作物病虫生物学重点实验室

³ 北海道大学农学研究院, 农业科学前沿全球教育计划

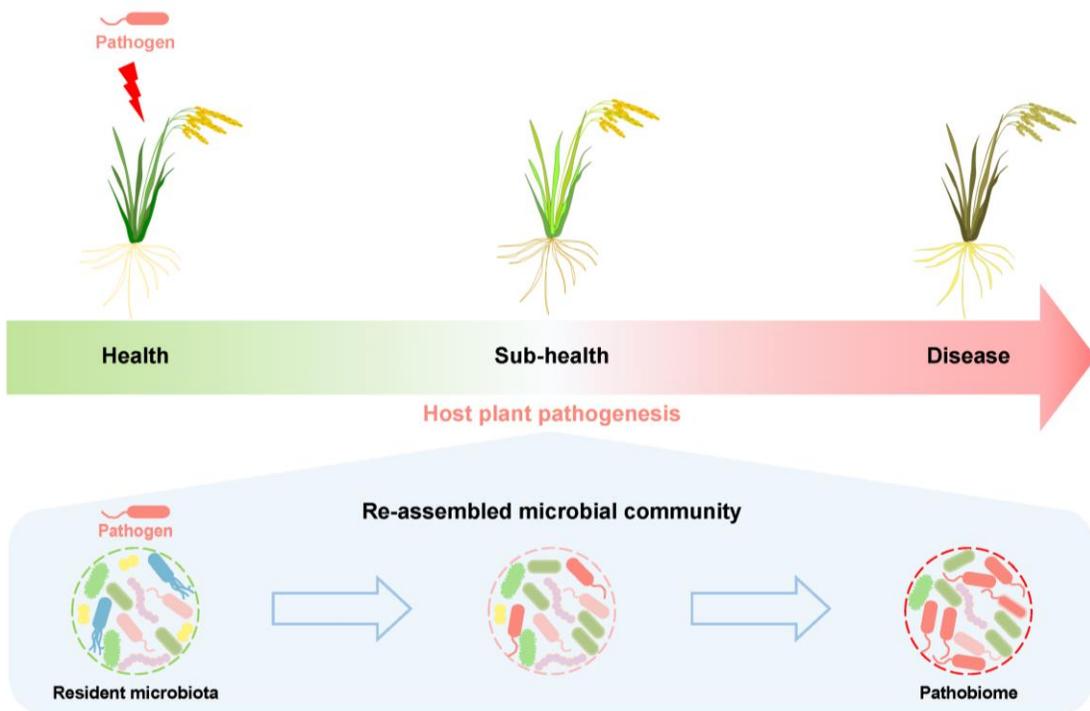


Tian-Xing Lv, Cheng-Fang Zhan, Qian-Qian Pan, Hao-Rong Xu, Hong-Da Fang, Meng-Cen Wang, and Haruna Matsumoto. 2023. Plant pathogenesis: toward multidimensional understanding of the microbiome. *iMeta* e129. <https://doi.org/10.1002/imt2.129>

亮点

- 常驻微生物群落是植物健康与发病的**隐秘变革者**。
- 外来病原菌在侵染植物时可以与常驻微生物群落中的特定成员形成合作伙伴关系，这种重组的菌群被称为**致病微生物组**。
- 致病微生物组通过协调**多尺度**的相互作用，促进宿主植物从病害发生到发展的病理过程。
- **全球变化**加快了植物病害发展趋势，靶向致病微生物组为病害防治提供了全新思路。

引言——植物病害之隐秘推手

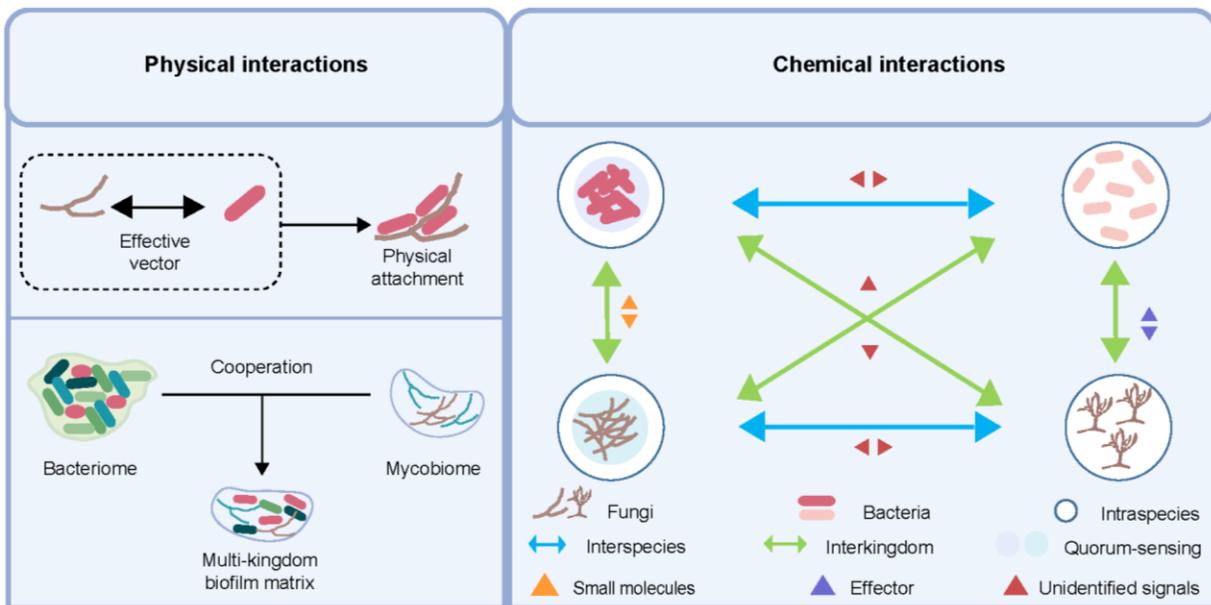


- 常驻微生物群落中发挥防御功能的微生物成员被称为“**抑病共生体**”。
- 常驻微生物群落中某些成员可能被外来病原菌操纵，在病害发展过程中与病原菌形成伙伴关系。这些与宿主发病相关的微生物群落，被统称为**致病微生物组**。
- 本文旨在强调常驻微生物群落对植物健康潜在负面影响的重要性，同时希望通过研究致病微生物组来深化对**微生物菌群相关互作及植物发病机制**的整体认知。

微生物种内和种间信号传递系统性影响植物发病进程

- “一种病原体——一种疾病”的传统发病机制范式**逐渐演变**为致病微生物组的概念。
- 植物病害的发生与发展可能是**多个微生物类群**与宿主植物相互作用的结果。
- 探究植物**致病微生物组介导的互作机制**对于揭示病原体在宿主植物体内的侵染过程至关重要。
- 入侵病原体和天然潜在病原微生物成员之间的互惠关系通常隐藏在**微生物种内、种间甚至是跨界的相互作用**中，可能对植物营养器官和生殖器官的稳态产生负面影响，从而推动侵染的发生，最终引发病害的发展进程。

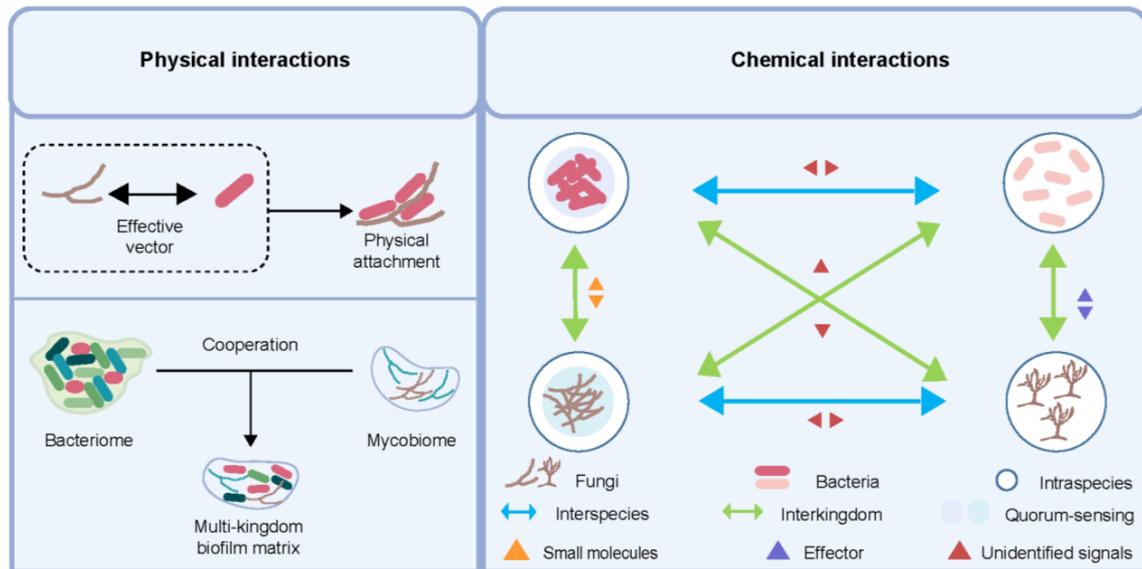
微生物种内和种间信号传递系统性影响植物发病进程



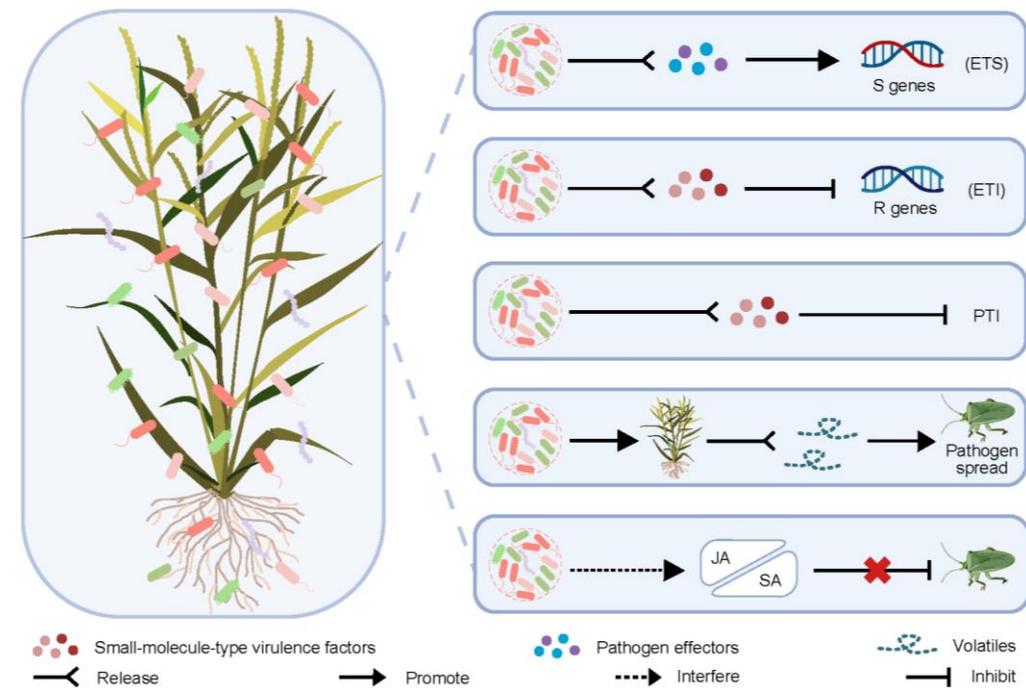
- **群体感应** (QS) 是最早被发现的细菌种内信号传递系统, 使细菌细胞能够化学感知周围群体密度, 进而调节运动性、生物膜形成、次生代谢和毒力等多种生理活动。
- **群体淬灭** (QQ) 是共生细菌广泛应用的一种种间互作形式, 用于干扰植物病原细菌的QS系统。
- 入侵病原体与特定常驻微生物成员通过种间交流建立的**互惠关系**在植物发病过程中具有重要生态意义。
- 为解析宿主植物内涉及致病微生物组**协调侵染的群体行为**, 需进一步探索未知信号分子和QS背后操控致病性的隐秘调控系统。

植物发病进程中的微生物跨界互作

- 细菌-真菌互作 (BFIs) 主要涉及物理和化学上的相互作用。
- 细菌能够物理附着于真菌，将真菌作为有效载体，促进其在宿主植物中的侵染和扩散。
- 真菌群与细菌群可以形成多界生物膜矩阵，作为物理屏障保护微生物群免受抗菌损伤，促进侵染的发展。
- 真菌释放的挥发性物质可能作为信号分子吸引细菌，进而实现真菌和细菌的共同侵染。
- 对微生物衍生的信号分子（如化学小分子以及效应子）进行全面表征，将有助于揭示BFIs介导的植物发病进程的机制。



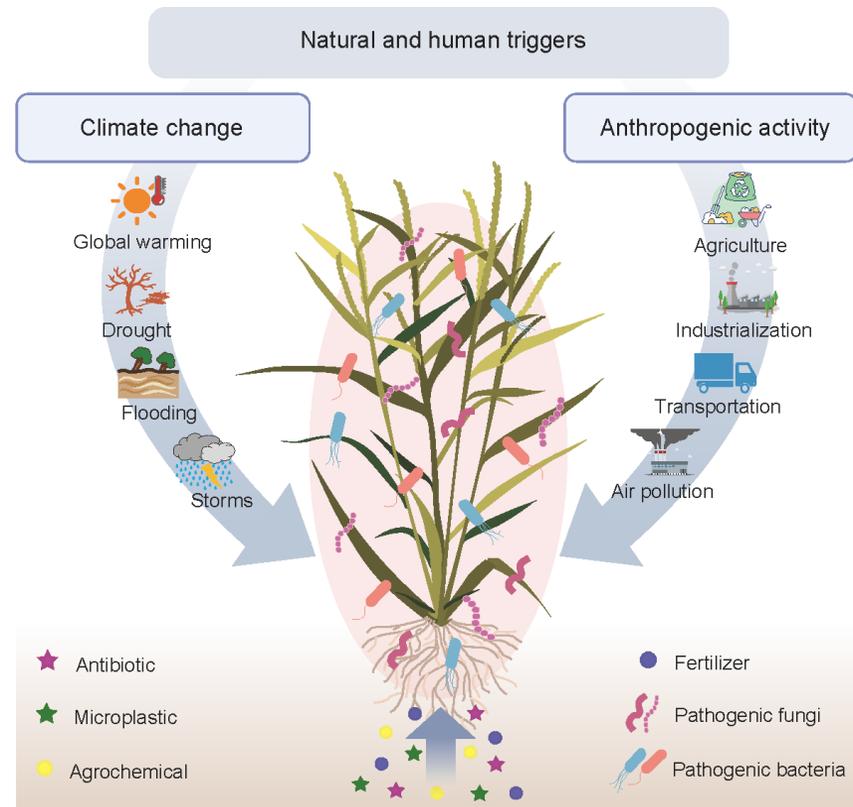
致病微生物组介导的发病进程中的多尺度互作



- 致病微生物组成员间能相互合作以**对抗植物遗传学操纵的联盟**。
- 致病微生物组成员释放特异性效应子**逃避R蛋白的识别**，并迅速进化以克服ETI，从而引发**效应子诱导的易感性（ETS）**。
- 致病微生物组成员产生的效应子可能会靶向由**易感基因（s基因）**编码的植物因子，以放大寄主植物的ETS。
- 致病微生物组成员可能武装多种**小分子型毒力因子**，推翻基于植物先天免疫的防御策略。
- 致病微生物组成员诱导宿主释放吸引媒介昆虫的**挥发物**，进而促进其传播和病害流行。
- 致病微生物组成员可能通过影响JA信号和SA信号之间的相互作用来**削弱**对植食性昆虫的**防御能力**。

植物致病微生物组流行的诱因

- 全球变化对微生物组的影响涵盖了植物生产力、生物多样性和生态系统功能等多个方面，产生连锁效应。



- 气候变化和人类活动可能对叶际微生物群落组成和多样性产生影响。
- 水和土壤中，抗生素和微塑料的广泛存在增加了潜在病原菌群的丰度，这些病原体与根际抗生素抗性基因的丰度增加具有空间关联性。
- 农药和化肥投入的增加对根际和叶际常驻微生物群的结构和功能产生不确定的影响，这可能促使周围环境中的非本地潜在致病微生物通过“真空效应”迅速侵占宿主植物从地下部到地上部的生态位。

结论和未来展望

- 致病微生物组参与调控植物的发病进程，表明植物病害的发生和发展不仅仅由单一病原体主导，而是致病微生物组多尺度协调互作的结果。
- 解答自然和人为因素如何影响植物致病微生物组的流行对阻止致病微生物组在启动致病作用之前发生组装具有积极作用。
- 未来需进一步在分类学水平上揭示致病微生物组中的特定成员，从分子角度深入解析致病微生物组组装和多尺度互作，系统阐明致病微生物组在病害发生和发展中的作用机制。
- 推进对植物发病机制的认识，并通过设计靶向致病微生物组的防治措施以应对日益严峻的植物病害，为植物病害的防治开辟一条新途径。

iMeta: Integrated meta-omics to change the understanding of the biology and environment

WILEY



“*iMeta*” is an open-access Wiley partner journal launched by scientists of the Chinese Academy of Sciences. *iMeta* aims to promote metagenomics, microbiome, and bioinformatics research by publishing original research, methods, or protocols, and reviews. The goal is to publish high-quality papers (Top 10%, IF > 15) targeting a broad audience. Unique features include video submission, reproducible analysis, figure polishing, APC waiver, and promotion by social media with 500,000 followers. Three issues were released in [March](#), [June](#), and [September](#) 2022.



Society: <http://www.imeta.science>

Publisher: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

Submission: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>



office@imeta.science



[iMeta](#)



[iMetaScience](#)



[iMetaScience](#)