



NaCl 胁迫下哈茨木霉 ACCC32524 的转录组和代谢组分析

向杰, 陈敬师, 夏鑫鑫, 刘快, 李世贵*, 顾金刚*

中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 农业农村部农业微生物资源收集保藏重点实验室, 北京 100081

摘要:【目的】通过分析 NaCl 胁迫下哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*) ACCC32524 转录组和代谢组数据, 研究差异表达基因及次级代谢产物的变化情况, 初步探索响应 NaCl 胁迫的分子机制。【方法】利用 Illumina HiSeq XTen 高通量测序平台完成 0、0.4、0.6 mol/L NaCl 浓度胁迫培养下哈茨木霉 ACCC32524 的转录组测序, GC-TOF-MS 技术完成对 0 mol/L 和 0.6 mol/L NaCl 胁迫培养下的差异次级代谢产物检测, 利用相关软件及数据库对差异表达基因(DEGs)和次级代谢产物的注释、筛选和分类, 并进行 RT-qPCR 验证。【结果】本研究分别得到 0.4 mol/L 和 0.6 mol/L NaCl 胁迫下 417 和 733 条差异表达基因; GO 富集分析显示, 分别有 318 和 582 条差异表达基因注释到生物学过程、分子功能和细胞组分 3 个一级分类和 40 个二级分类; COG 分类结果表明分别有 232 和 414 条转录本为 20 个类别, 涉及差异表达基因最多的分别为氨基酸的转运和代谢、一般功能预测、碳水化合物的转运和代谢; KEGG 代谢途径分析结果表明, 分别有 75 和 96 条基因归到 25 个代谢通路中($P \leq 0.05$), 其中涉及差异基因最多的是氨基酸的生物合成和 2-氧代羧酸代谢通路。从转录组数据中共筛选出与渗透调节、离子转运、活性氧清除等 22 个耐盐相关基因。0 mol/L 和 0.6 mol/L NaCl 胁迫下的代谢组数据中共筛选出 101 个差异次级代谢产物, 包括 8 种积累量上调和 93 种下调物质, 其中 36 个得到定性, 分属于糖类、有机酸和氨基酸等 9 个分类中。RT-qPCR 验证挑选的差异表达基因的表达量变化, 均与 RNA-seq 分析结果一致。【结论】NaCl 胁迫下引起哈茨木霉 ACCC32524 基因及次级代谢产物发生明显变化, 细胞代谢途径发生明显偏移, 这些进程共同作用减少 NaCl 对细胞的毒害作用, 为木霉菌的耐盐机理研究提供重要信息。

关键词: 哈茨木霉, NaCl, 转录组, 代谢组, 耐盐机理

土壤盐渍化是由自然因素或人类活动引起环境风险之一, 严重影响着农业生产的发展, 是世界各国范围内农业发展面临的问题。我国盐碱地

面积约为 $3.5 \times 10^7 \text{ hm}^2$, 占全国可耕作土壤面积的 4.88%, 而且还在不断增加^[1]。研究表明, 土壤盐渍化可使土壤理化性质变差, 导致作物生长不良,

基金项目: 国家重点研发计划(2017YFD0200604-5)

*通信作者。顾金刚, Tel: +86-10-82105037, E-mail: gujingang@caas.cn; 李世贵, E-mail: lishigui@caas.cn

收稿日期: 2018-12-17; 修回日期: 2019-03-06; 网络出版日期: 2019-06-17