

祝友朋, 韩长志. 植物病原丝状真菌寄生性与 RGS 蛋白的关系研究[J]. 华中农业大学学报, 2020, 39(6): 23-29.

DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2020.06.004

植物病原丝状真菌寄生性与 RGS 蛋白的关系研究

祝友朋, 韩长志

西南林业大学生物多样性保护学院/云南省森林灾害预警与控制重点实验室, 昆明 650224

摘要 以 49 个全基因组序列已经公布的真菌为研究对象, 通过 OrthoVenn2 同源基因簇比对、BLASTp 比对和关键词搜索 3 种方法对 G 蛋白信号调控因子(regulators of G-protein signaling, RGS)同源基因进行比对分析, 并结合 SMART 进行保守结构域分析, 结果发现, 49 个真菌中共有 229 个 RGS 蛋白, 每种真菌中所含有 RGS 蛋白的数量范围为 3~9 个, 且死体营养型病原菌和半活体营养型病原菌的 RGS 蛋白数量高于活体营养型病原菌; 根据 RGS 蛋白中保守结构域进行分类, 可以划分为 DEP-RGS、RGS-TM、PXA-RGS-PX、RGS、RGS-PAS-PAC、TM-RGS 等 6 种, 其中, 具有 RGS-PAS-PAC 和 TM-RGS 这 2 种特殊保守结构域的 RGS 蛋白主要集中在半活体营养型病原菌和死体营养型病原菌; 进一步对 229 个 RGS 蛋白进行遗传关系分析, 发现具有同种保守结构域的 RGS 蛋白亲缘关系较近。上述研究结果表明植物病原丝状真菌的寄生性与 RGS 蛋白数量和种类之间存在着一定的关联性。

关键词 植物病原菌; 丝状真菌; 调控蛋白; G 蛋白信号调控因子(RGS); 同源比对; 比较基因组学

中图分类号 S 435.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2020)06-0023-07

植物病原丝状真菌在实现对植物侵染的过程中, 为了更好地在植物中实现定殖和扩展等过程, 会分泌大量的效应分子, 包括分泌蛋白以及 CAZymes 蛋白等, 与植物中的防卫反应相关蛋白分子发生相互作用^[1]。以往的研究发现, 众多细胞信号转导途径参与上述过程, 其中鸟嘌呤核苷酸结合蛋白信号途径所发挥的作用较大^[2], 主要作用为将外界信号传递到细胞内。G 蛋白信号调控因子(regulators of G-protein signaling, RGS)作为该途径的负调控因子^[2], 其主要功能是通过促进 G 蛋白 α 亚基($G\alpha$)偶联的 GTP 水解, 促进 $G\alpha$ 和 $G\beta\gamma$ 亚基的再聚合, 导致 G 蛋白失活, 使上述信号通路迅速关闭^[3-4]。

研究发现众多真菌中都含有 RGS 蛋白, 如构巢曲霉 *Aspergillus nidulans* 有 5 个^[5], 轮枝镰刀菌 *Fusarium verticillioides* 有 6 个, 酿酒酵母 *Saccharomyces cerevisiae* S288c 有 4 个^[6], 稻瘟病菌 *Magnaporthe oryzae* 有 8 个, 新型隐球菌 *Cryptococcus neoformans* 有 3 个, 玉米赤霉菌 *Gibberella zeae* 有

7 个, 禾谷炭疽菌 *Colletotrichum graminicola* 有 6 个^[7], 希金斯炭疽菌 *C. higginsianum* 有 6 个, 引起橡胶炭疽病的胶孢炭疽菌 RGS 蛋白的数量有 10 个。另外, 对胶孢炭疽菌 RGS 蛋白的生物学功能进行解析, 发现 RGS 蛋白在胶孢炭疽菌的菌丝发育、产孢、次生代谢产物及色素合成, 以及致病性和有性生殖调控等方面发挥着重要作用。同时, 前人研究发现, 相对于专性寄生性真菌而言, 非专性寄生植物病原丝状真菌编码的分泌蛋白占基因组编码基因的比例较高, 在 CAZymes 家族中糖苷水解酶家族 GH 和多糖裂解酶家族 PL 所占比例也较高^[8]。然而, 上述研究更多关注的是某种真菌中 RGS 蛋白的数量和功能, 以及植物病原丝状真菌寄生性与 CAZymes 之间的关系, 对于植物病原真菌寄生性与 RGS 蛋白之间关系的研究尚未见报道。本研究基于比较基因组学, 对 OrthoVenn2 真菌数据库中 49 个丝状真菌开展全基因组同源基因对比分析, 同时, 利用 SMART 在线软件对所获得的蛋白序列开展

收稿日期: 2020-01-08

基金项目: 国家自然科学基金项目(31960314); 云南省应用基础研究计划项目(2018FG001-028)

祝友朋, 硕士研究生. 研究方向: 真菌分子生物学. E-mail: 3420204485@qq.com

通信作者: 韩长志, 博士, 副教授. 研究方向: 经济林木病害生物防治与真菌分子生物学. E-mail: hanchangzhi2010@163.com

保守结构域预测分析,以期明确 49 个真菌 RGS 蛋白的数量和类型,分析植物病原丝状真菌寄生性与 RGS 蛋白之间的关系,旨在为今后进一步解析 RGS 蛋白在病原真菌的生长发育与致病过程中的功能研究奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 真菌及其基因组数据

选择 16 个目共 49 个真菌开展研究,包括模式生物(构巢曲霉 *A. nidulans*、酿酒酵母 *S. cerevisiae*、粗糙脉孢霉 *Neurospora crassa*);植物病原菌(活体营养型:玉米丝黑穗病菌 *Sporisorium reilianum*、玉米黑粉菌 *Ustilago maydis*、松杨栅锈菌 *Melampsora laricipopulina*、禾本科布氏白粉菌 *Blumeria graminis*、小麦秆锈病菌 *Puccinia graminis*、叶锈菌 *Puccinia triticina*、花药黑粉菌 *Microbotryum violaceum*;半活体营养型:稻瘟菌 *M. oryzae*、禾谷镰刀菌 *Fusarium graminearum*、禾谷炭疽菌 *C. graminicola*、小麦壳针孢叶枯病菌 *Zymoseptoria tritici*、希金斯炭疽菌 *C. higginsianum*、藤黑镰刀菌 *Fusarium fujikuroi*、西瓜炭疽菌 *Colletotrichum orbiculare*、胶孢炭疽菌 *Colletotrichum gloeosporioides*、小麦颖枯病菌 *Parastagonospora nodorum*、圆核腔菌 *Pyrenophora teres*、斑点小球腔菌 *Leptosphaeria maculans*、松穴褥盘孢菌 *Dothistroma septosporum*;死体营养型:核盘菌 *Sclerotinia sclerotiorum*、灰霉菌 *Botrytis cinerea*、大丽轮枝菌 *Verticillium dahlia*、尖孢镰刀菌 *Fusarium oxysporum*、假禾谷镰刀菌 *Fusarium pseudograminearum*、串珠镰刀菌 *F. verticillioides*、腐皮镰刀菌 *Fusarium solani*、小麦全蚀病菌 *Gaeumannomyces graminis*、草坪斑枯病菌 *Magnaporthe poae*);非致病菌(土曲霉 *Aspergillus terreus*、棒曲霉 *Aspergillus clavatus*、烟曲霉 *Aspergillus fumigatus*、费氏曲霉 *Aspergillus fischeri*、米曲霉 *Aspergillus oryzae*、黄曲霉 *Aspergillus flavus*、黑曲霉 *Aspergillus niger*、里氏木霉 *Trichoderma reesei*、绿木霉 *Trichoderma virens*、毕赤酵母 *Komagataella pastoris*、解脂耶氏酵母 *Yarrowia lipolytica*、棉阿舒囊霉 *Ashbya gossypii*、日本裂殖酵母 *Schizosaccharomyces japonicus*、粟酒

裂殖酵母 *Schizosaccharomyces pombe*、嗜冷裂殖酵母 *Schizosaccharomyces cryophilus*、八孢裂殖酵母 *Schizosaccharomyces octosporus*、银耳 *Cryptococcus neoformans*、松露 *Tuber melanosporum*)。

1.2 真菌中 RGS 蛋白获得

首先,通过文献资料,收集前人关于 *S. cerevisiae*、*A. nidulans*^[5,9-11]、*M. oryzae*、*C. graminicola*^[7]、*C. higginsianum* 等报道的 RGS 蛋白登录号,并利用 OrthoVenn2^[12] 在线软件 (<https://orthovenn2.bioinfotoolkits.net/task/create>) 对本研究中 49 个真菌开展全基因组直系同源基因簇对比分析;其次,利用真菌蛋白数据库,根据 *S. cerevisiae* S288C 的 4 个 RGS 蛋白^[6,13] 氨基酸序列在线 BLASTp 比对,所有参数均选择默认值;同时,利用 NCBI 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>),输入“菌名 Regulators of G-protein signaling”、“菌名 RGS”检索 RGS;再次,通过合并、去重,获得其他真菌所含有的 RGS 蛋白序列;最后,利用 SMART 预测上述 RGS 蛋白序列的保守结构域,最终明确上述真菌中的 RGS 蛋白序列。

1.3 系统进化树构建

对得到的 RGS 蛋白序列,用 ClustalX 进行多重比对分析,然后用 MEGA 7.0.14 软件采用邻近法构建系统进化树,距离计算采用 p-Distance 模型,重复 1 000 次^[14]。

2 结果与分析

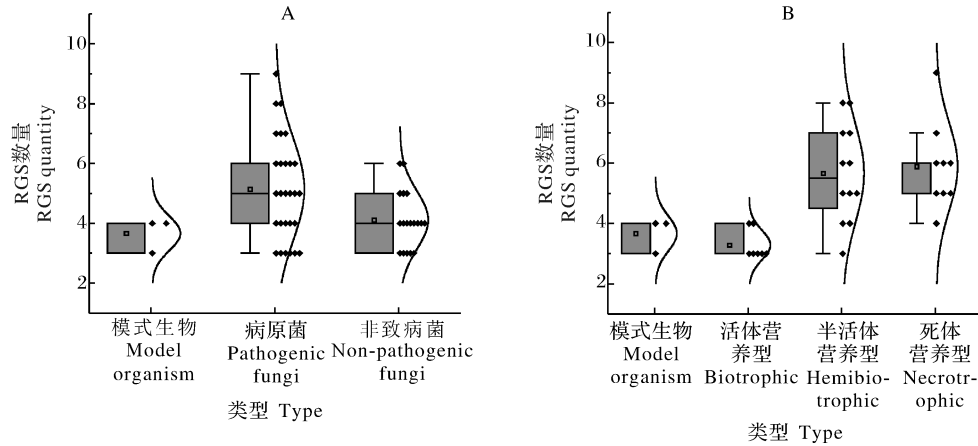
2.1 不同寄生性丝状真菌中 RGS 蛋白数量预测及对比分析

利用 OrthoVenn2 在线软件对 49 个真菌中 RGS 蛋白同源基因簇进行对比,共获得 224 条 RGS 蛋白相关序列,根据 *S. cerevisiae* S288C 的 RGS 蛋白序列在线 BLASTp 比对,共发现 238 条序列,同时,利用 NCBI 数据库,进行关键词检索,共发现 314 条序列,对上述所获得的全部 RGS 蛋白序列进行合并、去重,并结合 SMART 保守结构域分析,最终得到 229 条含有 RGS 保守结构域的典型 RGS 蛋白序列。进一步对上述序列进行分析,明确不同真菌中所含有的 RGS 蛋白数量为 3~9 个,其中 *F. oxysporum* 中所含 RGS 蛋白最多,有 9 个,其次为 *C. graminicola*,有 8 个;*S. cerevisiae*、*U. maydis*、

P. graminis、*A. niger*、*S. pombe* 等数量最少,都为 3 个。

按照模式生物、植物病原真菌及非致病菌 3 种类别进行 RGS 蛋白数量统计,发现植物病原真菌中存在的 RGS 蛋白数量较多(图 1A)。为了进一步明

确植物病原真菌寄生性与 RGS 蛋白之间的关系,将植物病原菌按照活体营养型、半活体营养型、死体营养型等寄生性类型进行分类,结果发现,死体营养型病原菌中 RGS 蛋白数量最多,其次为半活体营养型病原菌、模式生物,活体营养型病原菌数量最少(图 1B)。



A. 模式生物、病原菌及非致病菌 RGS 数量对比。B. 不同营养类型病原菌 RGS 数量对比。A.Comparison of RGS quantities of model organisms, pathogenic fungi and non-pathogenic fungi; B.Comparison of RGS quantities of pathogens of different nutritional types.

图 1 不同真菌中 RGS 蛋白数量对比分析

Fig.1 Comparative number analysis of RGS protein in different fungi

2.2 不同寄生性真菌中 RGS 蛋白种类及对比分析

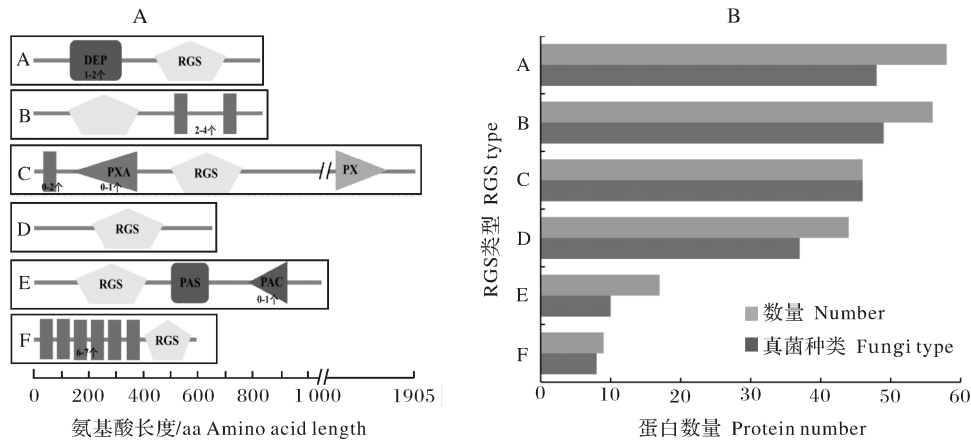
对 229 个 RGS 蛋白序列进行保守结构域预测分析,发现主要存在 6 种类型(图 2A),其中有 4 种为大多数真菌所共有,分别为 DEP-RGS、RGS-TM(跨膜区)、PXA-RGS-PX、RGS,数量分别为 58、56、46、44 个;其他 2 种分别为 RGS-PAS-PAC(17 个)、TM-RGS(8 个)(图 2B)。进一步分析,明确上述 RGS 蛋白均具有 1 个 RGS 保守结构域,其中 DEP 结构域用于膜靶向^[15],是 1 个约 80 个残基组成的球形结构域,大多数的真菌 RGS 在氨基端包含 2 个 DEP 结构域,其主要功能是将含有 DEP 结构域的蛋白质靶向特定的亚细胞膜位点,在靶向 G 蛋白偶联的信号传导途径中发挥选择性作用;PX 结构域,是一个约 120 个残基组成的结构域,发挥着多种功能,如细胞信号传导、水泡运输、蛋白质分选和脂质修饰等,能够与 PXA 结构域结合,作用于液泡形态分化和将蛋白定位在液泡;PAS 结构域参与许多信号蛋白的传递,在其中被用作信号传感器,PAC 域出现在所有已知 PAS 域的 C 末端,有助于 PAS 结构域折叠。

进一步分析 6 种类型 RGS 蛋白在 49 个真菌中的存在情况,结果显示,类型 I、II、III 的 RGS 蛋白存在于多数真菌中,类型 V 和 VI 的 RGS 蛋白主要集

中在半活体营养型病原菌和死体营养型病原菌中。具体而言:类型 I 除 *S. sclerotiorum* 外,其他 48 个真菌中均存在;类型 II 在 49 个真菌中都存在,类型 III 除 *Z. tritici*、*S. cerevisiae*、*A. niger* 外,其他 46 个真菌中都存在;类型 IV 除 *V. dahlia*、*S. japonicus*、*S. pombe*、*S. cryophilus*、*S. octosporus*、*M. laricipopulina*、*P. graminis*、*P. triticina*、*S. reilianum*、*U. maydis*、*C. neoformans*、*M. violaceum* 外,其他 37 个真菌中都存在;类型 V 在 *C. graminicola*、*F. solain*、*C. higginsianum*、*G. graminis*、*C. orbiculare*、*M. poae*、*C. gloeosporioides*、*M. oryzae*、*S. sclerotiorum*、*B. cinerea* 等 10 个真菌中存在;类型 VI 在 *A. fumigatus*、*A. fischeri*、*T. reesei*、*C. graminicola*、*V. dahlia*、*C. orbiculare*、*C. gloeosporioides*、*P. nodorum* 等 8 个真菌中存在,类型 V 和 VI 的数量和种类都较少,且集中在植物病原菌中。

2.3 遗传关系分析

对 49 个真菌的 229 条 RGS 蛋白序列进行遗传关系分析,结果发现,229 个序列聚为 6 类,该结果与通过保守结构域预测结果所分类别一致。其中类型 I、VI 和 III 亲缘关系上较近,类型 II 和 IV 在亲缘关系上较近,V 类单独为一支(图 3)。



A. 丝状真菌中 6 种 RGS 的类别; B. 丝状真菌中 6 种 RGS 的数量。A.Categories of 6 RGS in filamentous fungi; B.Number of 6 RGS in filamentous fungi.

图 2 丝状真菌中 6 种 RGS 蛋白的类别及数量关系

Fig.2 Types and quantitative relationships of six RGS in filamentous fungi

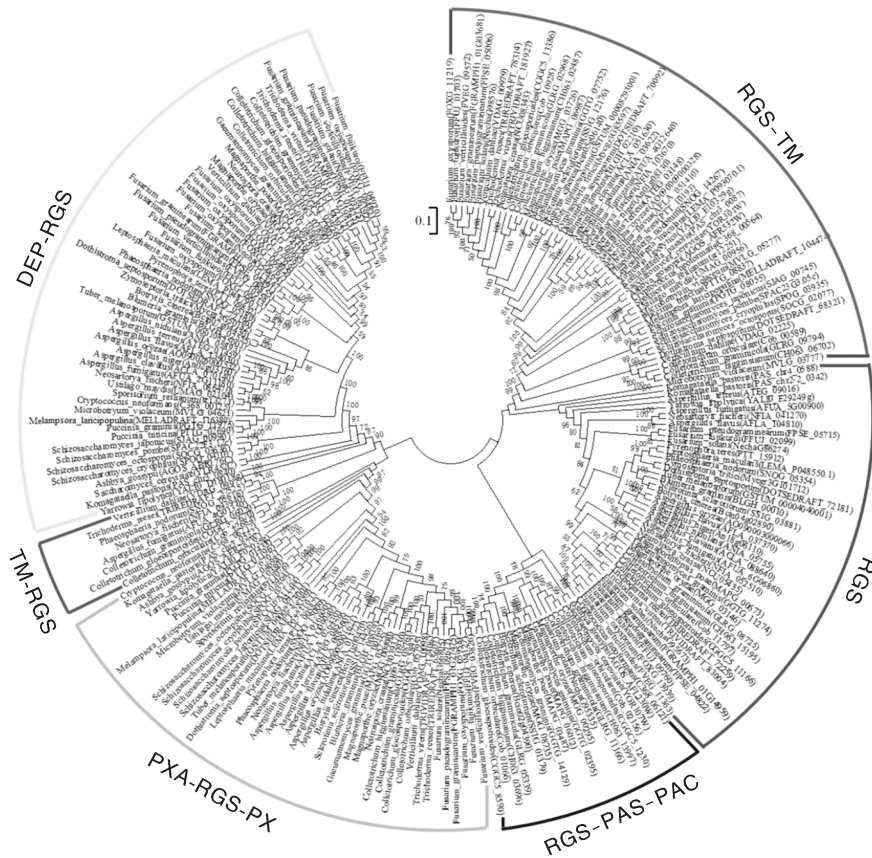


图 3 不同真菌中 RGS 蛋白序列之间的遗传关系

Fig.3 Genetic relationship between RGS protein sequences in different fungi

2.4 已报道真菌中 RGS 蛋白数量的差异分析

对已报道真菌的 RGS 蛋白数量与此次发现的 RGS 蛋白数量进行对比分析,发现存在着一定的差异,其中 *S. cerevisiae*、*A. nidulans*、*F. verticil-*

lioides 和 *M. oryzae* 的 RGS 数量减少,*C. graminicola*、*C. higginsianum* 和 *C. gloeosporioides* 的 RGS 蛋白增多(表 1)。

表 1 真菌中 RGS 蛋白数量与前人研究存在差异的具体情况

Table 1 Compare with the number of RGS protein between this study and previous studies in different fungi

真菌名称 Name of fungi	不同 RGS 蛋白种类的数量/个 Number of different RGS protein types						RGS 蛋白 总数量/个 Total number of RGS	预测方法 Prediction method	参考文献 References
	I	II	III	IV	V	VI			
<i>Aspergillus nidulans</i> FGSC A4	1	1	1	1	/	0(1)	4(5)	筛选鉴定 Screening and identification	[6,13]
<i>Fusarium fujikuroi</i> IMI 58289	2	1	1(2)	1	/	/	5(6)	——	[5,9-10]
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C	1	1	0(1)	1	/	/	3(4)	sst2 筛选鉴定 sst2 screening and identification	[16]
<i>Pyricularia oryzae</i> 70-15	1	1(2)	1	1	2(1)	0(2)	6(8)	BLASTp 比对、关键词搜索 BLASTp comparison and keyword search	[17]
<i>Colletotrichum</i> <i>graminicola</i> M1.001	1	2(1)	1	1	2(1)	1	8(6)	BLASTp 比对、关键词搜索 BLASTp comparison and keyword search	[7]
<i>Colletotrichum</i> <i>higginsianum</i>	1	2(1)	1	1	2(1)	/	7(5)	BLASTp 比对、关键词搜索 BLASTp comparison and keyword search	[7]
<i>Colletotrichum fructicola</i> Nara gc5	1	1	1	1	2(1)	1	7(6)	BLASTp 比对 BLASTp comparison	[7]

注:括号中数字为前人研究报道的数量。Note:The number in brackets were published with previous research reports.

3 讨论

以 49 个全基因组序列已经释放的真菌为研究对象,通过 OrthoVenn2 同源基因簇比对、BLASTp 比对和关键词搜索 3 种方法对 RGS 蛋白同源基因进行比对,并结合 SMART 保守结构域分析,发现 49 个真菌所含有的典型 RGS 蛋白的数量为 229 个,其中部分真菌的 RGS 蛋白数量与前人报道的 RGS 蛋白数量存在一定的差异,其主要原因在于通过 OrthoVenn2 同源基因簇比对新发现其他真菌与 *S. cerevisiae* S288C 的 4 个 RGS 蛋白氨基酸序列同源的 RGS 蛋白序列及其利用 SMART 保守结构域预测分析发现未含有 RGS 蛋白保守结构域的 RGS-like 序列。本研究保守结构域预测未发现 RGS 保守结构域的 RGS 蛋白序列有 *S. cerevisiae* 的 Mdm1, *A. nidulans* 的 GprK, *M. oryzae* 的 MoRGS6、MoRGS7、MoRGS8^[16], *F. verticillioides* 的 RGSC2^[17]。保守结构域预测新发现 RGS 保守结构域的 RGS 蛋白序列有 *M. oryzae* 的 MGG_00295, *C. graminicola* 的 GLRG_11166、GLRG_09794, *C. higginsianum* 的 CH063_13997、CH063_06702, *C. gloeosporioides* 的 CGGC5_1230。此外, *F. oxysporum* 存在 6 个具有 DEP-RGS 保守结构域的 RGS 蛋白,与其他 48 个真菌相比,极为突出,

是否与尖孢镰刀菌的生活习性及其致病性相关,有待于今后进一步研究。

同时,为了进一步明确不同真菌分类单元与其所含有 RGS 蛋白数量和种类之间的关系,本研究组还根据 49 个真菌分类归属情况,开展了上述真菌分类单元与其所含有 RGS 蛋白数量和种类之间的关联分析,结果显示,上述真菌分属于 16 个目(散囊菌目、肉座菌目、小从壳目、酵母目、裂殖酵母目、锈菌目、格孢菌目、长喙壳目、黑粉菌目、核盘菌目、煤炱目、粪壳菌目、银耳目、盘菌目、白粉菌目、微球黑粉菌目),以小从壳目、长喙壳目、肉座菌目中的真菌所含有的 RGS 数量较多,平均分别为 7、6、5.9 个,在锈菌目、黑粉菌目、裂殖酵母目中的 RGS 数量较少,平均为 3 个。RGS 作为真菌中一类重要的调控蛋白,对于真菌在生长发育、次生代谢产物及色素合成以及致病性和有性生殖调控等方面均发挥着重要的作用,推测具有不同数量 RGS 蛋白的真菌在上述功能发挥方面存在着较大的区别。传统的植物病理学根据植物病原真菌侵染植物的过程,分为活体、半活体和死体 3 种营养类型,其中,活体营养型病原菌主要通过吸收植物的营养成分、半活体和死体营养型病原菌则主要通过降解植物细胞壁来完成生长繁殖。然而,尚未见有关 RGS 蛋白与真菌营养类型之间关系的研究报道。前人研究发现,半活体和死体

营养型病原菌的分泌蛋白占总基因的比例高于活体营养型病原菌,半活体和死体营养型病原菌的 CAZymes 的数量和占分泌蛋白组的比例显著高于活体营养型病原菌^[8]。本研究对其 RGS 蛋白的种类和数量进行研究,明确死体营养型病原菌 RGS 蛋白数量高于半活体营养型病原菌,半活体营养型病原菌 RGS 蛋白数量高于活体营养型病原菌,且具有 RGS-PAS-PAC、TM-RGS 两种 motif 类型的 RGS 蛋白主要集中在半活体营养型病原菌和死体营养型病原菌。由此推断植物病原菌的 CAZymes、RGS 蛋白与真菌寄生性之间存在较为密切的关系。同时,前人研究发现半活体和死体营养型病原菌参与植物细胞壁降解的糖苷水解酶家族 GH 和多糖裂解酶家族 PL 均发生了显著扩增^[8]。半活体和死体营养型病原菌的 CAZymes 数量和 RGS 蛋白数量均多于活体营养型病原菌。今后,对于植物病原菌中的 CAZymes、RGS 蛋白与真菌寄生性三者之间关系以及作用机制均有待进一步探索,同时,RGS 蛋白中的 PAS 结构域具有参与许多信号蛋白的传递功能,其是否与真菌寄生性有着直接关系? RGS 蛋白中的 TM 结构域在 RGS 结构域前面是否也与病原菌的寄生性有着直接关系,均有待于未来进一步明确。本研究为进一步解析上述真菌的 RGS 蛋白功能奠定了理论基础,对植物病原菌的防治具有理论指导意义。

参考文献 References

- [1] 韩长志,许蓓. 植物病原丝状真菌分泌蛋白及 CAZymes 的研究进展[J]. 南京林业大学学报(自然科学版),2017,41(5):152-160. HAN C Z, XU X. Advance in functional research of secreted protein and CAZymes in plant pathogenic filamentous fungus[J]. Journal of Nanjing Forestry University (natural sciences edition),2017,41(5):152-160 (in Chinese with English abstract).
- [2] 朱小彬,朱霞,于一帆,等. G 蛋白信号转导调节蛋白(RGS)研究进展[J]. 中国农学通报,2014,30(6):248-253. ZHU X B, ZHU X, YU Y F, et al. Advances of research on regulators of G protein signaling (RGS proteins) [J]. Chinese agricultural science bulletin,2014,30(6):248-253 (in Chinese with English abstract).
- [3] ABRAMOW-NEWERLY M, ROY A A, NUNN C, et al. RGS proteins have a signalling complex; interactions between RGS proteins and GPCRs, effectors, and auxiliary proteins[J]. Cellular signalling,2006,18(5):579-591.
- [4] MCCUDDEN C R, HAINS M D, KIMPLE R J, et al. G-protein signaling: back to the future[J]. Cellular and molecular life sciences,2005,62(5):551-577.
- [5] YU J H. Heterotrimeric G protein signaling and RGSs in *Aspergillus nidulans*[J]. Journal of microbiology,2006,44(2):145-154.
- [6] DOHLMAN H G, SONG J, MA D, et al. Sst2, a negative regulator of pheromone signaling in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*: expression, localization, and genetic interaction and physical association with Gpa1 (the G-protein alpha subunit) [J]. Molecular and cellular biology,1996,16(9):5194-5209.
- [7] 韩长志. 禾谷炭疽菌 RGS 蛋白生物信息学分析[J]. 微生物学通报,2014,41(8):1582-1594. HAN C Z. Bioinformatics analysis on regulators of G-protein signaling in *Colletotrichum graminicola*[J]. Microbiology China,2014,41(8):1582-1594 (in Chinese with English abstract).
- [8] 陈相永,陈捷胤,肖红利,等. 植物病原真菌寄生性与分泌蛋白组 CAZymes 的比较分析[J]. 植物病理学报,2014,44(2):163-172. CHEN X Y, CHEN J Y, XIAO H L, et al. The comparative analysis of secreted CAZymes in phytopathogenic fungi with different lifestyle[J]. Acta phytopathologica sinica,2014,44(2):163-172 (in Chinese with English abstract).
- [9] YU J H, WIESER J, ADAMS T H. The *Aspergillus* FlbA RGS domain protein antagonizes G protein signaling to block proliferation and allow development[J]. The EMBO journal,1996,15(19):5184-5190.
- [10] HAN K H, SEO J A, YU J H. Regulators of G-protein signaling in *Aspergillus nidulans*: RgsA downregulates stress response and stimulates asexual sporulation through attenuation of GanB (Galpha) signalling [J]. Molecular microbiology,2004,53(2):529-540.
- [11] LEE B N, ADAMS T H. Overexpression of flbA, an early regulator of *Aspergillus* asexual sporulation, leads to activation of brIA and premature initiation of development[J]. Molecular microbiology,1994,14(2):323-334.
- [12] XU L, DONG Z, FANG L, et al. OrthoVenn2: a web server for whole-genome comparison and annotation of orthologous clusters across multiple species[J]. Nucleic acids research,2019,47:52-58.
- [13] WANG Y, GENG Z, JIANG D, et al. Characterizations and functions of regulator of G protein signaling (RGS) in fungi [J]. Applied microbiology and biotechnology,2013,97(18):7977-7987.
- [14] 韩长志,许蓓. 粘绿木霉 Gv29-8 的碳水化合物活性酶类蛋白预测及遗传关系分析[J]. 华中农业大学学报,2017,36(5):39-44. HAN C Z, XU X. Prediction and genetic relationship of CAZymes proteins from *Trichoderma virens* Gv29-8 genome [J]. Journal of Huazhong Agricultural University,2017,36(5):39-44 (in Chinese with English abstract).
- [15] 王心睿,杨红,廖之君. DEP 结构域的结构与功能[J]. 生命的化学,2015,35(2):264-271. WANG X R, YANG H, LIAO Z J. Structure and function of the DEP domain [J]. Chemistry of

- life, 2015, 35 (2): 264-271 (in Chinese with English abstract).
- [16] 乐鑫怡. 稻瘟病菌 RGS 家族蛋白 RGS 结构域的功能解析及 Dynamin 家族蛋白 MoDnm2、MoDnm3 的生物学功能研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2017. LE X Y. Functional analysis of RGS domain in RGS protein family and dynamin protein MoDnm2, MoDnm3 in *Magnaporthe oryzae* during development and pathogenicity [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2017 (in Chinese with English abstract).
- [17] MUKHERJEE M, KIM J E, PARK Y S, et al. Regulators of G-protein signalling in *Fusarium verticillioides* mediate differential host-pathogen responses on nonviable versus viable maize kernels [J]. Molecular plant pathology, 2011, 12(5): 479-491.

Relationship between parasitism and RGS protein in plant pathogenic filamentous fungi

ZHU Youpeng, HAN Changzhi

*The Key Laboratory of Forest Disaster Warning and Control of Yunman Province/
College of Biodiversity Conservation, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China*

Abstract Using 49 filamentous fungi with whole genome sequence published as the research objects, OrthoVenn2 homologous gene cluster alignment, BLASTp comparison, keyword search and SMART were used to analyze the homologous gene and conservative domain of regulators of G-protein signaling (RGS). The results showed that there were 229 RGS in the 49 fungi, the number of RGS in each fungus ranged from 3 to 9, and the number of RGS of the necrotrophs and hemibiotrophs fungi was higher than that of the biotrophs fungi. According to the conserve domains, the RGS proteins could be divided into six types, including DEP-RGS, RGS-TM, PXA-RGS-PX, RGS, RGS-PAS-PAC, and TM-RGS, of which RGS with two special conserved domains, RGS-PAS-PAC and TM-RGS, were mainly concentrated in the hemibiotrophs and necrotrophs fungi. Further genetic analysis showed that RGS proteins with the same conserved domain were closely related. The above results indicated that there was a certain correlation between the parasitism and the quantity and species of RGS protein in plant pathogenic filamentous fungi.

Keywords plant pathogenic fungi; regulatory proteins; filamentous fungi; regulators of G-protein signaling (RGS); homology alignment; comparative genomics

(责任编辑: 边书京)