

附件 1

学科名称	植物保护
------	------

河南省本科高校青年骨干教师考核报告

项目名称：小麦根腐线虫 Pc-ENG3 蛋白调控寄主免疫
反应促进侵染的分子机制

起止时间：2024.01 至 2026.08

培养对象姓名：李 宇 专业技术职务：副教授

学 校：河南农业大学

填表日期：2026 年 8 月 8 日

河南省教育厅制

一、基本情况

姓名	李宇	性别	男	民族	汉	出生日期	198502
所在单位	河南农业大学			行政职务	支部书记	专业职务	副教授
研究专长	植物病原线虫与寄主互作的分子机制			学历	研究生	学位	博士
电子信箱	liyuzhibao@henau.edu.cn			电 话	13849197591		
研 究 项 目	项目名称	小麦根腐线虫 Pc-ENG3 蛋白调控寄主免疫反应促进侵染的分子机制					
	一级学科	植物保护		学科门类		农学	
	研究类别	√1、基础 2、应用 3、教学类					
	资助金额	3 万元		学校配套金额		0 万元	
	成果形式	A. 著作 √B. 论文 C.教材					
	获奖情况	2026 年度河南省高等学校优秀科技成果一等奖 (科技进步类)					
主 要 参 加 人	姓名	单位		职称		承担任务	
	李宇	河南农业大学		副教授		项目主持	
	王珂	河南农业大学		副教授		互作蛋白功能研究	
	李洪连	河南农业大学		教授		病原接种、数据分析	
	王硕	河南农业大学		博士研究生		ENG 蛋白的功能研究	
	秦玲	河南农业大学		硕士研究生		根腐线虫分离鉴定	

二、总结报告

主要内容：项目预期计划执行情况；成果内容、特色及创新点，主要学术价值和应用价值；在教学水平、科研能力、团队建设、社会服务等方面的完成情况；不足之处及努力方向。

(1) 项目预期计划执行情况

序号	研究目标	完成情况	备注
1	根腐线虫的分离鉴定、优势种的致病力测定	本研究采用改良的贝尔曼漏斗法对黄淮地区小麦、玉米、高粱等多种作物根际土壤样品中的根腐线虫进行了分离纯化，结合形态学和分子生物学技术对其进行了种类鉴定。鉴定到咖啡短体线虫、玉米短体线虫等多个根腐线虫。明确了 咖啡短体线虫 是黄淮地区的优势种，其对多种作物表现出很强的致病力。	完成
2	明确咖啡短体线虫 <i>Pc-ENG3</i> 基因的特性研究及 <i>Pc-ENG3</i> 蛋白的外泌性验证和免疫定位	获得了咖啡短体线虫强致病力种群（HN-K1）和弱致病力种群（AH-015A2）的全长转录组数据，在强致病力种群显著上调基因中筛选到了植物寄生线虫内切葡聚糖酶基因 <i>Pc-ENG3</i> ，明确其在咖啡短体线虫的食道腺中特异表达； <i>Pc-ENG3</i> 在咖啡短体线虫不同虫态中均有表达，侵染虫态雌虫和幼虫的表达量显著高于其它虫态。明确了 <i>Pc-ENG3</i> 蛋白的信号肽具有指导蛋白质外泌的功能，通过免疫定位确认 <i>Pc-ENG3</i> 在线虫侵染过程中可以通过口针分泌到寄主根系的细胞壁和细胞间隙。	完成
3	明确 <i>Pc-ENG3</i> 在咖啡短体线虫侵染和致病等过程中的生物学功能	<i>Pc-ENG3</i> 基因沉默 12 h 后咖啡短体线虫对寄主的侵染力显著下降。VIGS 沉默 <i>Pc-ENG3</i> 后咖啡短体线虫对玉米的致病力显著降低。以上结果说明 <i>Pc-ENG3</i> 在咖啡短体线虫侵染和致病过程中的发挥重要作用。	完成

4	明确咖啡短体线虫 Pc-ENG3 蛋白与玉米 ZmTCTP2a 蛋白互作促进线虫侵染的分子机制	通过酵母双杂、荧光素酶互补成像、双分子荧光互补和 GST pull-down 验证,明确了 PcENG3 与玉米肿瘤翻译控制蛋白 ZmTCTP2a 互作。VIGS 沉默玉米 <i>ZmTCTP2a</i> 发现玉米主根明显变短,侧根数量显著减少,生长后期出现雄穗发育不良、雌穗畸形等症状,对咖啡短体线虫的抗性明显减弱。此外, <i>ZmTCTP2a</i> 影响玉米糖代谢过程中包括糖酵解、三羧酸循环和磷酸戊糖途径多个关键基因的表达。本研究结果表明线虫 PcENG3 与玉米 ZmTCTP2a 互作,通过影响玉米能量合成,抑制玉米生长发育促进线虫的侵染,ZmTCTP2a 作为重要的调控因子,在调控玉米抗病性,细胞分化和增殖方面发挥重要作用,是育种中防治根腐线虫的一个重要潜在靶标。	完成
---	---	---	----

(2) 成果内容、特色及创新点,

成果内容 1: 根腐线虫的分离鉴定及优势种的致病力测定

1) 根腐线虫的田间症状及形态学鉴定

根腐线虫危害高粱的田间症状为:地上部植株明显矮小,长势弱,根系减少,根部呈现明显的褐色或黑褐色病斑,部分根系出现不同程度的坏死腐烂(图 1)。

形态特征:采自山西省高粱根际的根腐线虫种群,其雌虫及雄虫的形态特征的显微结构如图 2 所示。雌虫热杀死后虫体僵直或略向腹部弯曲呈字母 C 状,头架骨化明显,向后延伸,唇区低平且略显缢缩,包含 2 个唇环,口针粗短且强壮,长度为 15.36-17.29 μm ,口针基部球圆形或椭圆形,口针基部球到背食道腺开口的距离为 2.18-3.81 μm ,尾端平截;雄虫热杀死后虫体形态与雌虫相似,与雌虫相比雄虫体型稍短且纤细,头架和口针与雌虫相比略弱,体前端形态特征与雌虫相似,精巢明显,交合刺纤细,引带长 4.68-5.79 μm ,尾较尖。本研究中采集到的根腐线虫种群的形态特征与 Inserra et al. (2001) 描述的咖啡短体线虫的形态特征较为一致,故将中国山西省高粱根际采集到的根腐线虫初步鉴定为咖啡短体线虫。



图 1 山西高粱根腐线虫病的田间症状

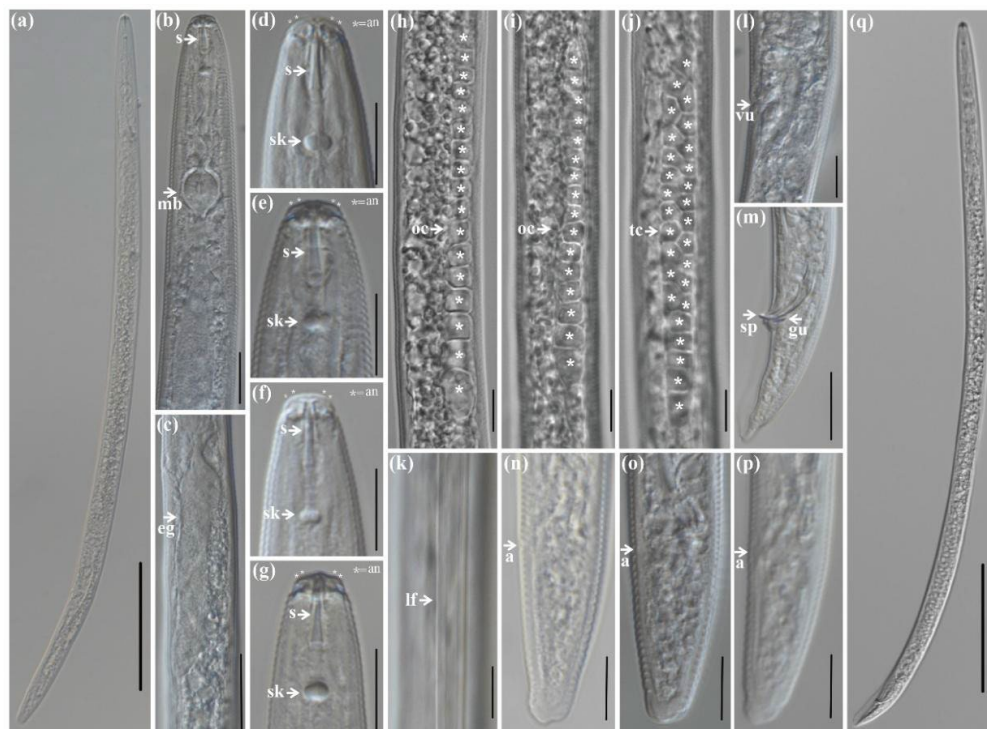


图 2 根腐线虫（咖啡短体线虫）的形态学鉴定

2) 根腐线虫的分子鉴定及系统发育分析

结果表明, 本研究获得的根腐线虫 rDNA-ITS 区序列 (PP531525) 与咖啡短体线虫的 rDNA-ITS 区 (OQ592785, OQ592735) 序列的相似性为 100 %。rDNA-28 S D2-D3 区序列 (PP531576) 与咖啡短体线虫 rDNA-28 S D2-D3 区 (OQ592691, OQ592693) 序列的相似度为 100 %。基于 rDNA-ITS 区序列构建的贝叶斯系统发育树中包含 1 个以 *Nacobbus aberrans* 种群的外类群和 53 个内类群, 从山西高粱根系中分离出来的根腐线虫的序列与已报道的咖啡短体线虫 rDNA-ITS 区聚集在同一高度支持的分支上, 其支持率高达 100 % (图 3)。

上述基于 rDNA-ITS 和 rDNA-28 S D2-D3 区序列的分子鉴定结果与形态学的鉴定结果一致, 表明中国山西省高粱根际分离出来的根腐线虫 GL-1 种群为咖啡短体线虫。

3) 根腐线虫优势种-咖啡短体线虫的致病力测定

接种 60 天后的盆栽结果表明, 接种咖啡短体线虫 5 个不同种群处理组的根系均出现了不同程度的受害症状。接种咖啡短体线虫的高粱植株表现为地上部生长缓慢, 长势弱, 植株矮小; 由于咖啡短体线虫的侵染, 植株根系明显减少, 部分根系出现褐色或黑褐色的病斑, 随着病情的不断加重, 根系的病斑也随之不断扩大, 最终导致整个根系出现大面积的坏死腐烂状。未接线虫的对照组高粱的根系健康生长, 未见受害症状 (图 4)。

接种 60 天后, 从高粱根部和根际土壤中分离得到了大量的咖啡短体线虫 (表 1)。其中, 接种 HN-K1 及 SD-1 种群的高粱根际土壤平均虫量分别为 4971 条和 4632 条, Rf 分别为 2.5 和 2.3, 繁殖能力最强。接种 HN-A21、XC-344-1 和 GL-1 种群的高粱根际咖啡短体线虫的 Rf 分别为 2.2、2.1 和 1.6。依据 Goo et al. (1997) 的寄主测定标准, 确定接种的咖啡短体线虫 5 个种群均能侵染危害高粱, 高粱是咖啡短体线虫的适合寄主 ($Rf > 1$), 但不同种群在高粱上的繁殖力存在差异。

接种 HN-K1 和 SD-YC-1 种群的高粱, 植株明显矮小, 根系受损极其严重, 株高、地上部鲜重和根鲜重分别为 71.3 cm、21.2 g、11.7 g 及 69.9 cm、21.8 g 和 12.6 g, 均显著低于 ($P < 0.05$) 未接种的对照组的植株 (表 2)。综上所述, 供试的咖啡短体线虫 5 个不同种群对高粱均具有明显的致病性, 但不同种群的致病力存在明显的差异。

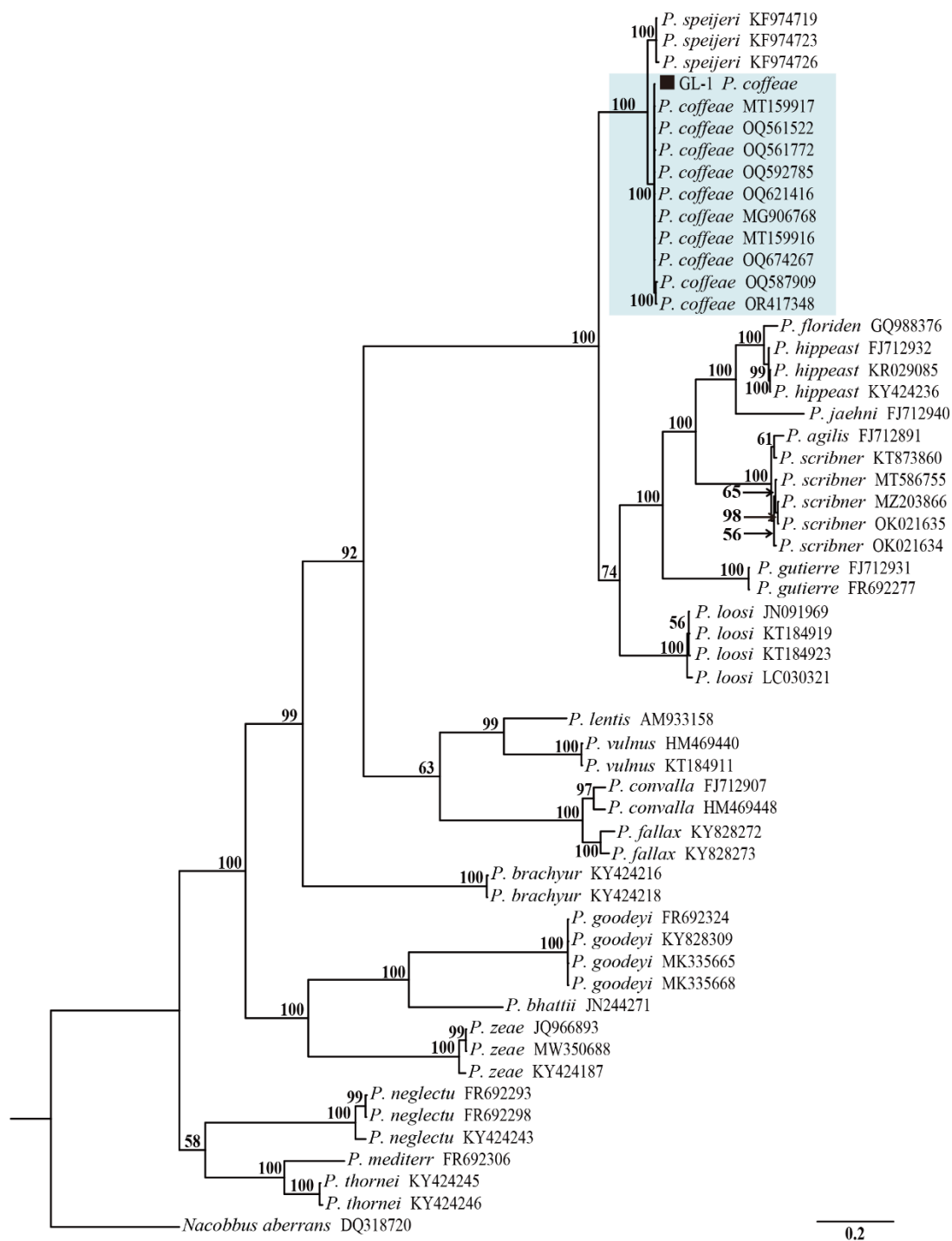


图 3 GTR+I+G 模型下由 ITS rRNA 基因序列推断出的贝叶斯系统发育树

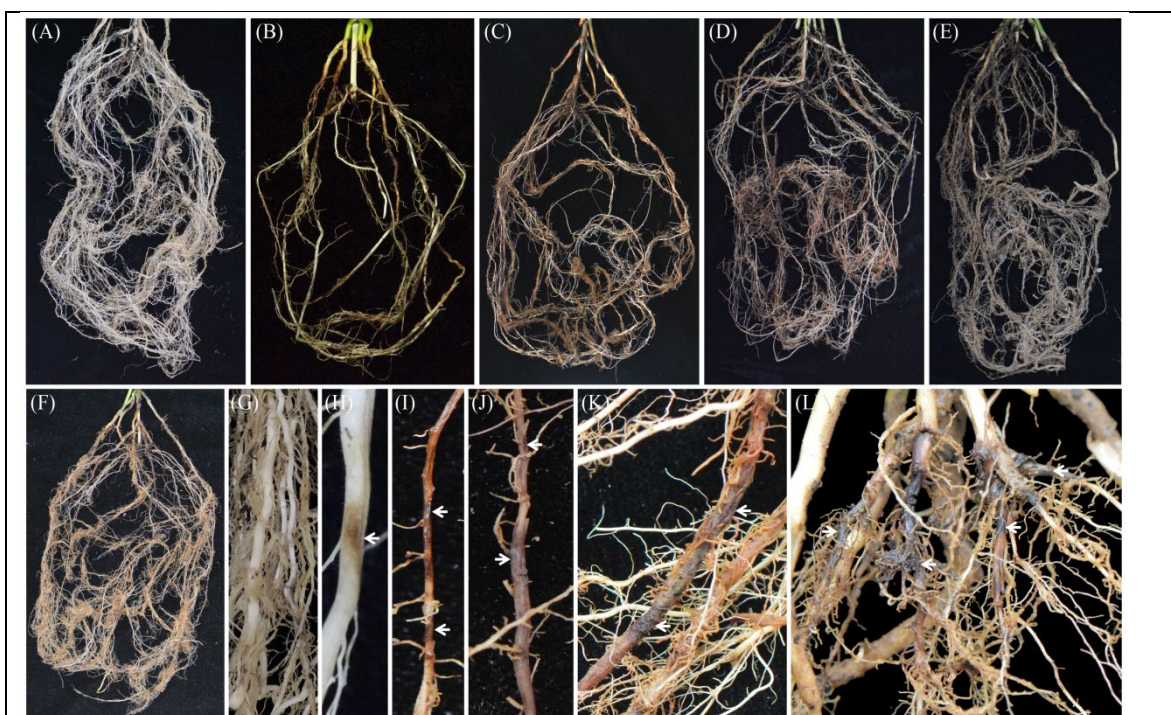


图 4 咖啡短体线虫 5 个不同种群对高粱的致病性测定

表 1 咖啡短体线虫 5 个不同种群接种 60 天后的繁殖力测定

种群名	土壤线虫虫量	根系线虫虫量	总虫量	Rf
CK	0	0	0	0
HN-K1	4038.0±1226.1 ^a	595.0±86.8 ^a	4633.0±1252.9 ^a	2.3±0.6 ^a
SD-YC-1	4358.0±1460.0 ^a	613.0±215.4 ^a	4971.0±1670.1 ^a	2.5±0.8 ^a
HN-A21	3936.8±1891.8 ^a	460.8±192.7 ^{ab}	4397.6±2080.4 ^a	2.2±1.0 ^a
XC-344-1	3792.6±1137.9 ^{ab}	483.4±85.3 ^a	4276.0±1201.5 ^a	2.1±0.6 ^a
GL-1	2907.6±1019.2 ^b	306.8±87.1 ^b	3214.4±1080.4 ^b	1.6±0.5 ^b

注：数据为 5 个重复的平均值±标准误差。同一列内不同小写字母表示差异在 0.05 水平上显著。繁殖系数(Rf) = 最终分离的线虫/初始接种的线虫。

表 2 咖啡短体线虫 5 个不同种群接种 60 天后对植株生长的影响

种群名	株高 (cm)	株鲜重 (g)	根鲜重 (g)
CK	158.8±17.7 ^a	40.1±11.3 ^a	36.5±5.0 ^a
HN-K1	71.3±4.3 ^c	21.2±3.5 ^c	11.7±1.2 ^c
SD-YC-1	69.9±10.2 ^c	21.8±9.8 ^{bc}	12.6±5.2 ^c
HN-A21	78.2±13.9 ^{bc}	21.7±4.3 ^{bc}	14.9±5.6 ^{bc}
XC-344-1	83.1±8.0 ^{bc}	24.4±11.5 ^{bc}	17.0±6.6 ^{bc}
GL-1	102.4±32.1 ^b	30.3±9.9 ^b	20.3±3.0 ^b

注：数据为 5 个重复的平均值±标准误差。同一列内不同小写字母表示差异在 0.05 水平上显著。

4) 根腐线虫优势种-咖啡短体线虫侵染寄主的病理组织切片

发病的高粱根系经酸性品红染色后，在显微镜下可以观察到根内含有大量的咖啡短体线虫和卵，表明该线虫可以在供试的高粱根系内生长发育并完成生活史；病理组织切片结果显示，在高粱根部细胞中存在咖啡短体线虫，由于该线虫的侵染和取食，根系组织细胞部分被降解，进而导致根系出现腐烂坏死（图 5）。

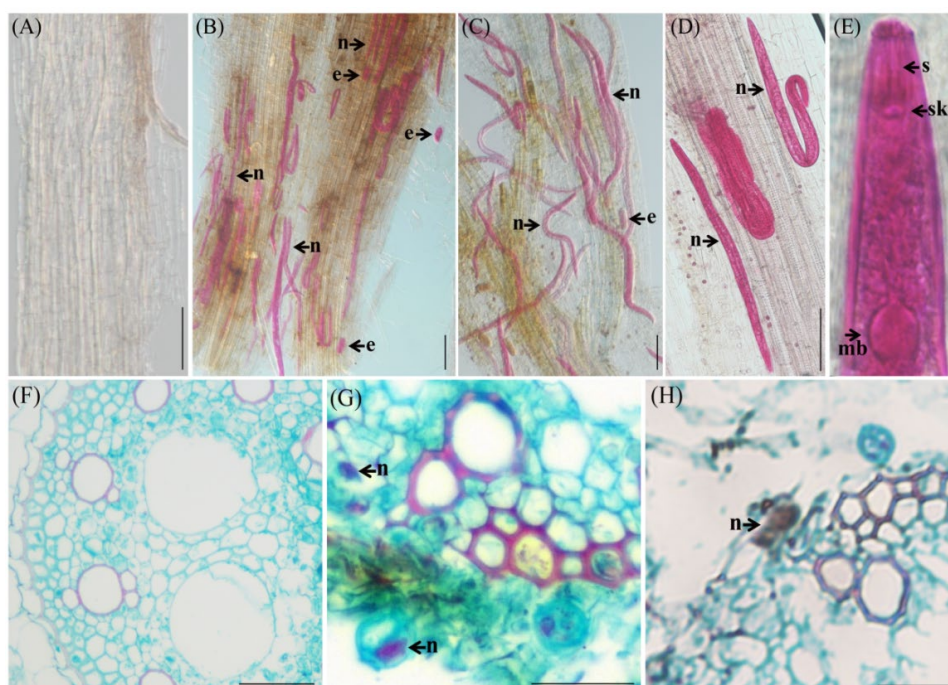


图 5 咖啡短体线虫侵染高粱的病理组织切片

5) 玉米短体线虫等其他根腐线虫的病原鉴定及首次报道

采用改良的贝尔曼漏斗法对采集的土壤样品中的根腐线虫进行了分离，并通过形态学和分子生物学相结合的方法对其种类进行了鉴定。鉴定结果表明，除了优势种咖啡短体线虫外，还分离到玉米短体线虫（*P. zae*）、斯克里布纳短体线虫（*P. scribneri*）、落选短体线虫（*P. neglectus*）和桑尼短体线虫（*P. thornei*）4 个种。首次在安徽省发现玉米短体线虫侵染危害小麦，首次在河南和江苏省的玉米根际发现玉米短体线虫的侵染危害，该线虫是河南和江苏省的新纪录种。

成果 1 的特色及创新点

- 1) 明确了我国黄淮地区根腐线虫的种类分布、优势种（咖啡短体线虫）及其对寄主的致病力；
- 2) 首次发现由咖啡短体线虫侵染引起的高粱根腐病；
- 3) 首次在安徽省发现玉米短体线虫侵染危害小麦；
- 4) 首次在河南和江苏省发现玉米短体线虫侵染危害玉米。

成果内容 2：根腐线虫优势种-咖啡短体线虫 Pc-ENG3 蛋白与玉米 ZmTCTP2a 互作促进线虫侵染的分子机制

前期我们明确了咖啡短体线虫是我国黄淮地区根腐线虫的优势种，对小麦、玉米、高粱等多种寄主表现较强的致病力，因此本研究以咖啡短体线虫为靶标进行后续研究。

1) 咖啡短体线虫两个致病力差异种群的转录组学分析

对咖啡短体线虫强致病力种群HNK1和弱致病种群015A2侵染玉米时期进行转录组PacBio三代测序（图6-7），通过组学分析咖啡短体线虫两个致病力差异种群侵染时期相关通路和差异表达基因。测序结果共筛选获得18937 个侵染时期差异表达基因（DEG），其中8233个基因上调表达，10704个基因下调表达。GO功能富集注释分析显示差异表达基因功能富集在生物代谢进程、蛋白结合和转运进程。另外，DEG显著富集的KEGG通路主要富集在蛋白质转录修饰、信号转导机制和翻译、核糖体结构和生物进程等。此外，从DEGs中筛选到两个致病基因*Pc-ENG2*和*Pc-ENG3*，两个基因在咖啡短体线虫侵染寄生和玉米互作中可能发挥重要作用。

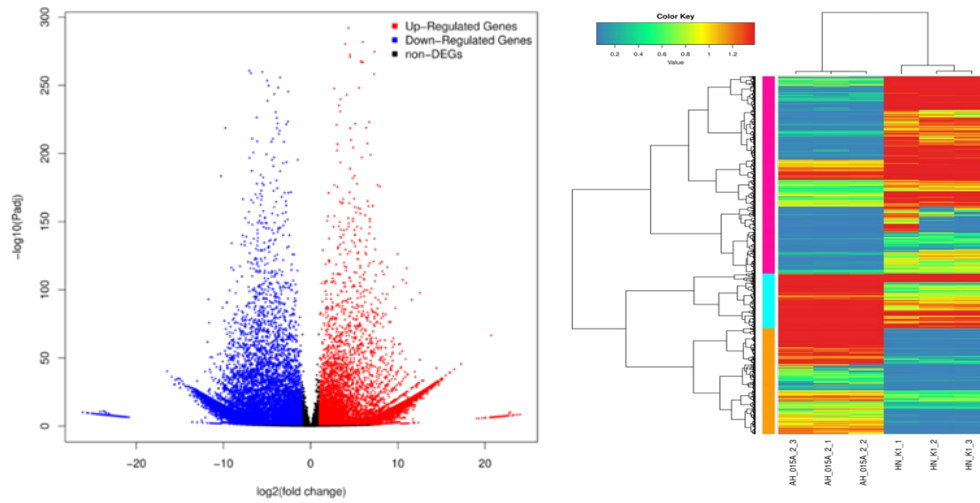


图 6 咖啡短体线虫 HNK1 和 015A-2 种群差异表达火山图和差异 isoform 聚类热图

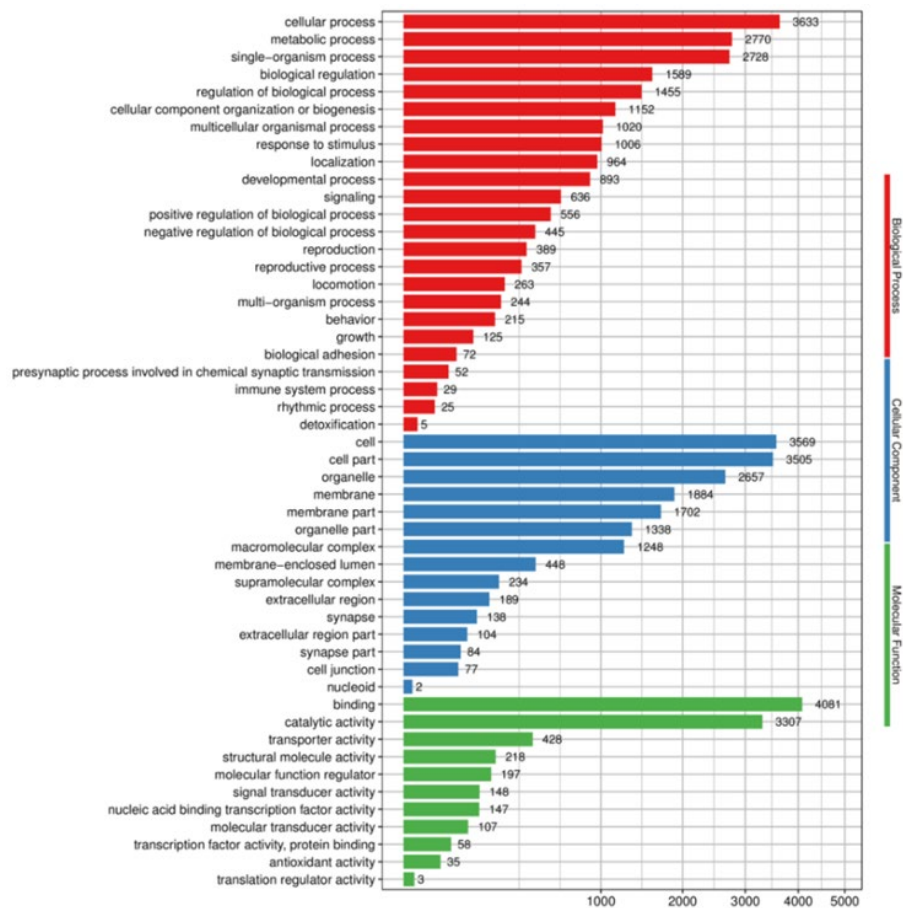


图 7 咖啡短体线虫 HNK1 和 015A-2 种群 GO 富集分析

2) 咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 的定位、表达及 *Pc-ENG3* 蛋白的外泌性验证

对咖啡我们对 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫中的组织定位采用了原位杂交技术。明确 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫的食道腺中特异表达；*Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫不同虫态中均有表达，侵染虫态雌虫和幼虫的表达量显著高于其它虫态（图 8）。明确了 *Pc-ENG3* 蛋白的信号肽具有指导蛋白质外泌的功能（图 9）。

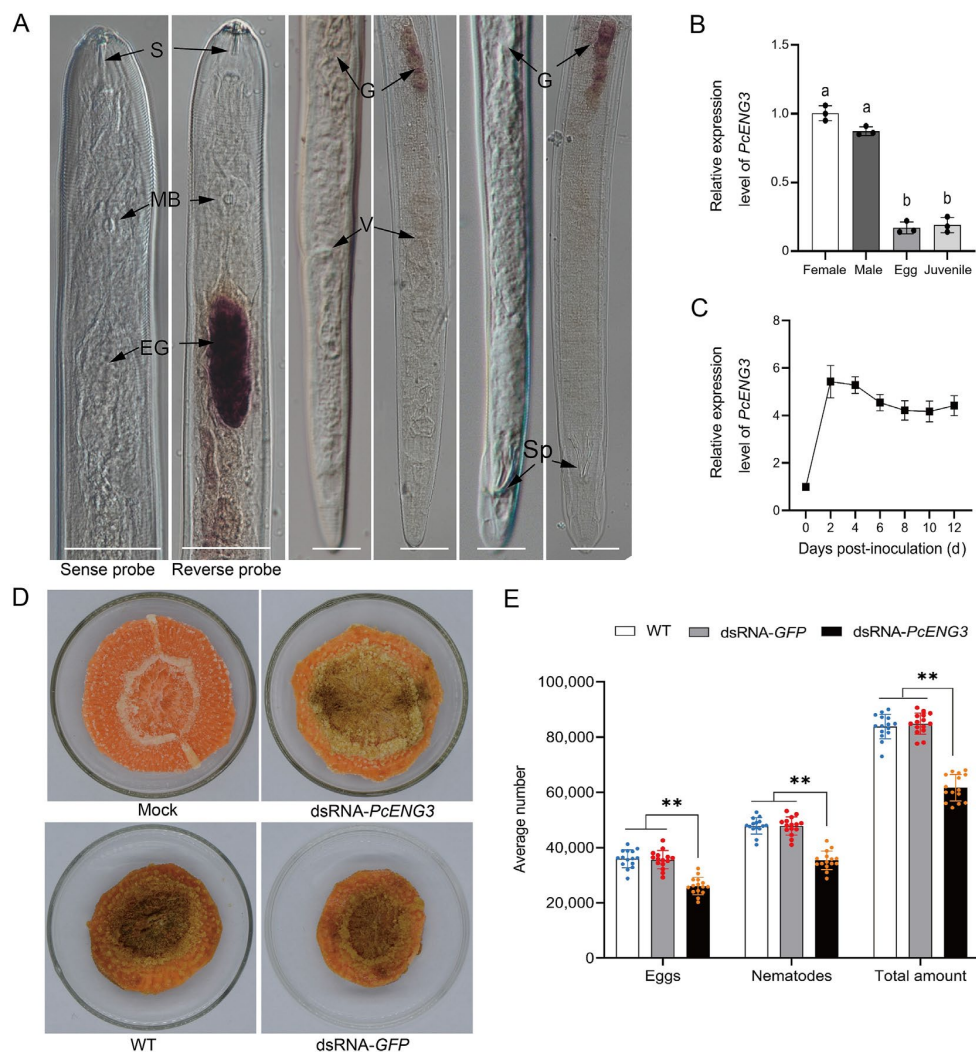


图 8 咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 的定位与表达分析

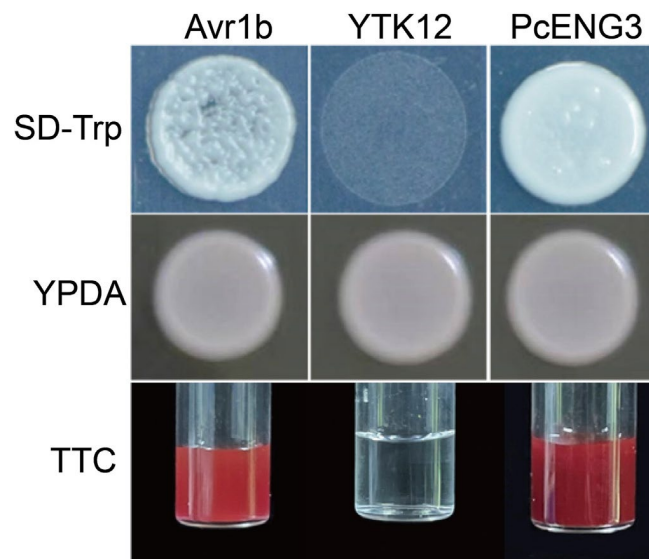


图 9 咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 蛋白的外泌性验证

2) *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫侵染和致病过程中的生物学功能

在玉米介导的 *Pc-ENG3* 沉默实验中，将转化 pTRV2 空质粒和 pTRV2-GFP 的玉米为阴性对照，转化 pTRV2-ZmPDS 的玉米为阳性对照。将重组质粒转化 C58C1 生根农杆菌后侵染玉米种子。结果表明转化 pTRV2-ZmPDS 的玉米出芽后出现明显的“光漂白”现象，阴性对照和 pTRV2-*PcENG3* 转化玉米未出现明显的生长缺陷特征（图 10A）。咖啡短体线虫侵染 pTRV2-*PcENG3* 玉米后 *Pc-ENG3* 表达量显著降低约 50%，WT，pTRV2-empty 和 pTRV2-GFP 组玉米根系 *Pc-ENG3* 表达量无显著差异，接种咖啡短体线虫 60 天后，TRV2-*PcENG3* 农杆菌转化玉米植株地上部鲜重和根鲜重显著增加，玉米根际咖啡短体线虫的数量显著减少约 30%（图 10）。以上结果表明 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫侵染和致病过程中的发挥重要作用。

3) 咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 与玉米互作蛋白的筛选验证

通过玉米酵母文库筛选 *Pc-ENG3* 互作蛋白，得到多个玉米候选互作蛋白，通过酵母一对一双杂交、荧光素酶互补成像、双分子荧光互补和 GST pull-down 验证，明确了 *Pc-ENG3* 与玉米肿瘤翻译控制蛋白 ZmTCTP2a 存在互作关系（图 11）。

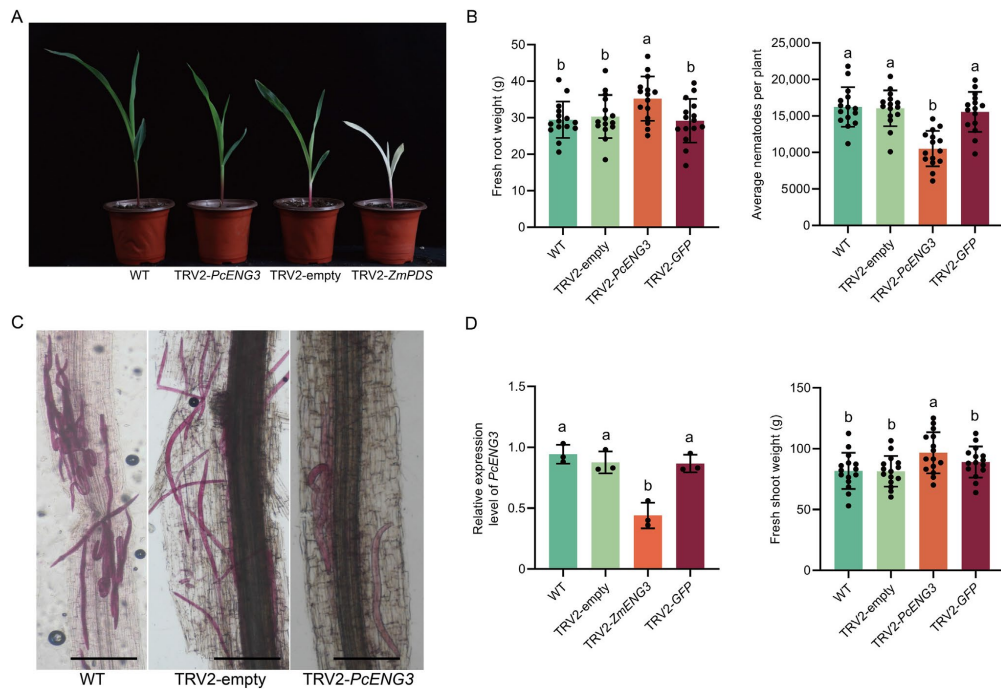


图 10 利用 HIGS 技术验证 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫侵染致病过程中的功能

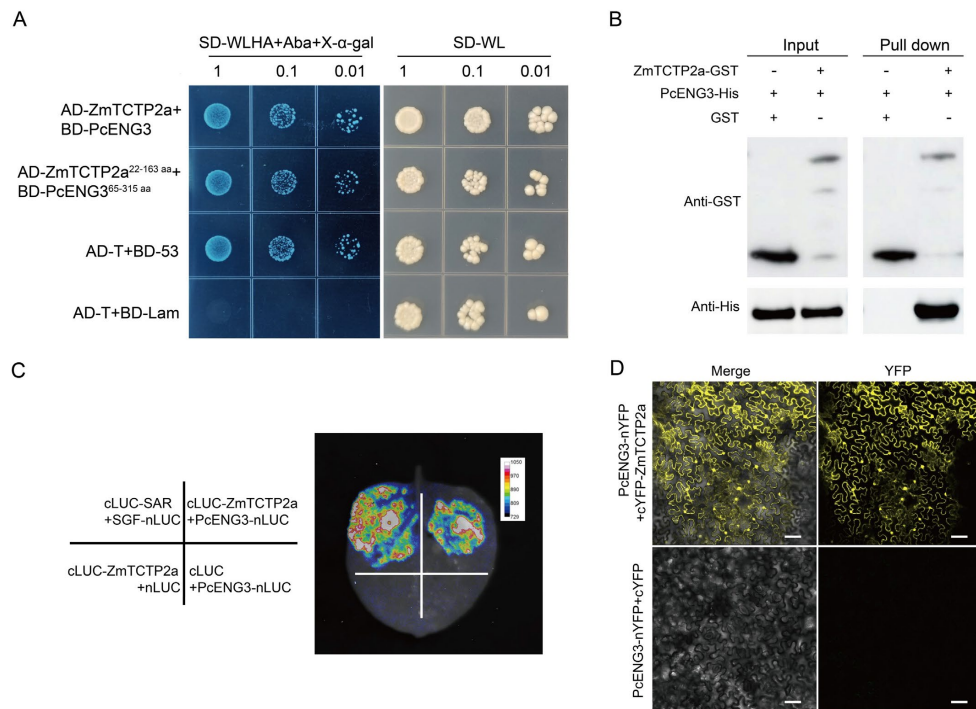


图 11 咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 与玉米互作蛋白的筛选与验证

4) Pc-ENG3 蛋白与玉米 *ZmTCTP2a* 互作促进线虫侵染的分子机制

利用 RNAi 技术研究了玉米 *ZmTCTP2a* 基因的功能, 结果表明 *ZmTCTP2a* 沉默后根系发育缓慢, 主根长度显著低于 WT (图 12A), 玉米根系根冠和根尖分生区发育缓慢, 根系维管束和导管等组织尚未发育完全。结果表明, *ZmTCTP2a* 参与玉米根系组织发育和根系细胞增殖分化。*ZmTCTP2a* 沉默后苗期玉米生长缓慢, 叶片窄小, 玉米主根系伸长减弱, 侧根数量减少 (图 12B), 生长后期玉米出现明显的生殖缺陷, 玉米雄穗败育不产生花粉, 雌穗发育畸形 (图 12C)。各对照组玉米 *ZmTCTP2a* 表达量无显著差异, RNAi-*ZmTCTP2a* 玉米 *ZmTCTP2a* 的沉默效率为 39%, 差异显著 ($P<0.05$)。

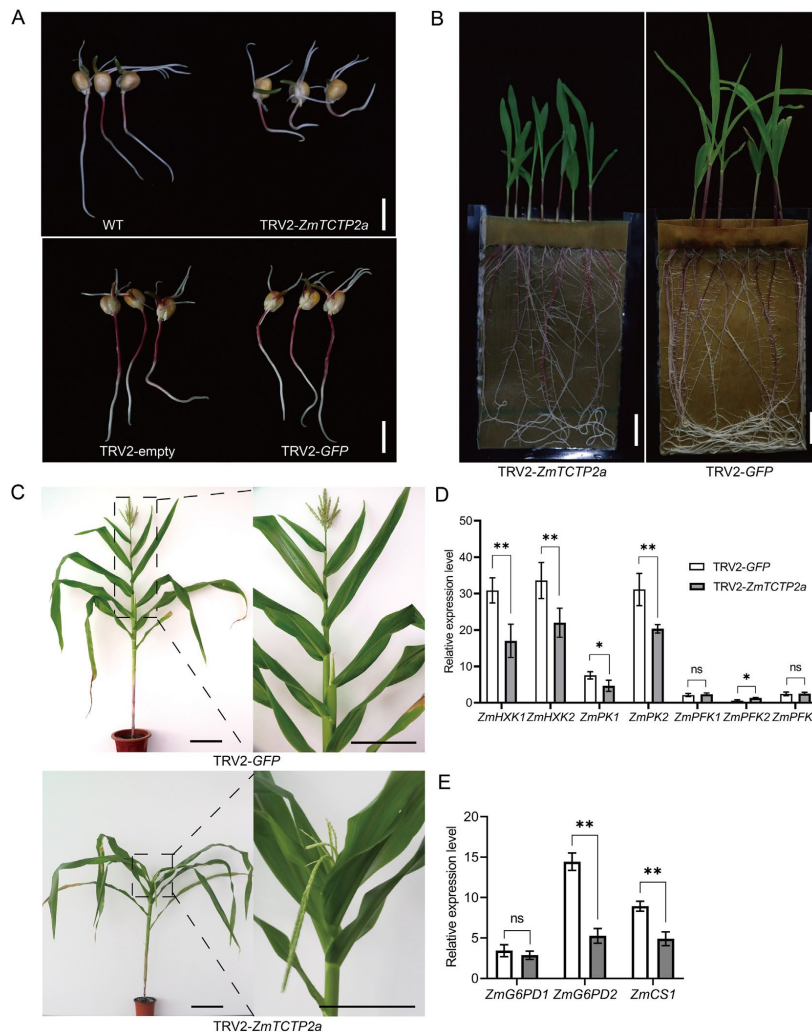


图 12 RNAi-*ZmTCTP2a* 对玉米生长发育的影响

接种咖啡短体线虫 60 天后，分别统计各组玉米根际线虫虫量以及玉米相关生长参数。结果表明：RNAi-ZmTCTP2a 玉米植株地上部鲜重和根鲜重显著降低，玉米根际线虫数量显著增加 23%，线虫对玉米致病力增强，WT，pTRV2-empty 和 pTRV2-GFP 组玉米生长量无显著差异（图 13）。

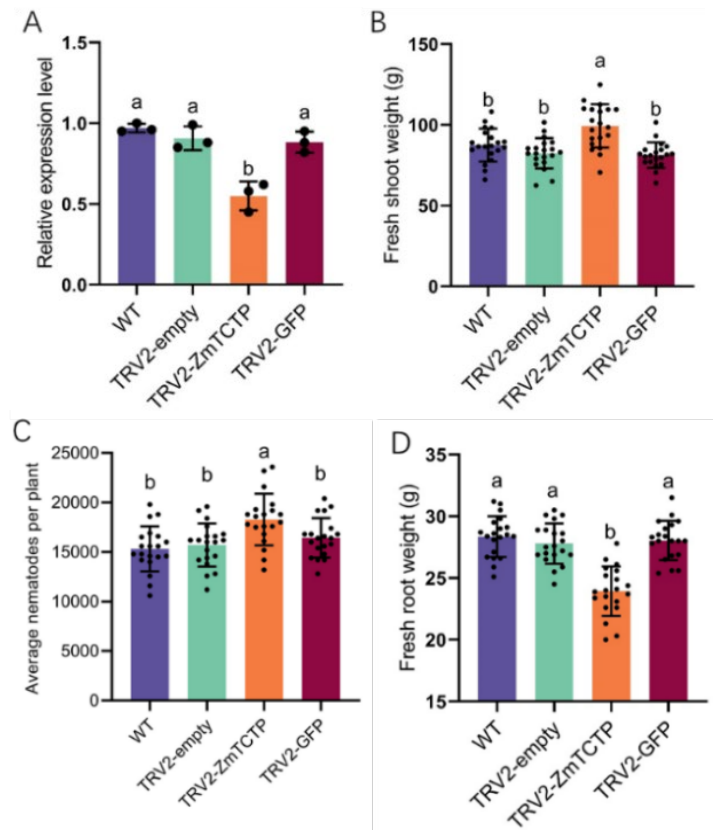


图 13 RNAi-ZmTCTP2a 降低玉米对咖啡短体线虫的抗性

玉蜀黍瘤黑粉菌主要危害玉米的叶，秆，雄穗和果穗等部位，特征为形态各异的肿瘤状凸起。室内瘤黑粉菌抗性测定表明玉米豫单 959 和豫单 8348 为高抗玉蜀黍瘤黑粉菌品种，玉米郑单 958 为感病品种。分别将玉米郑单 958、豫单 959 和豫单 8348 的 *ZmTCTP2a* 沉默处理，出芽后 15 d 注射接种玉蜀黍瘤黑粉菌，接种后 15 d 调查病瘤数量。抗性测定试验结果表明，*ZmTCTP2a* 沉默处理后玉米郑单 958，豫单 959 和豫单 8348 病瘤数量显著增加 ($P<0.01$)，玉米对玉蜀黍瘤黑粉菌抗性明显减弱（图 14-15）。

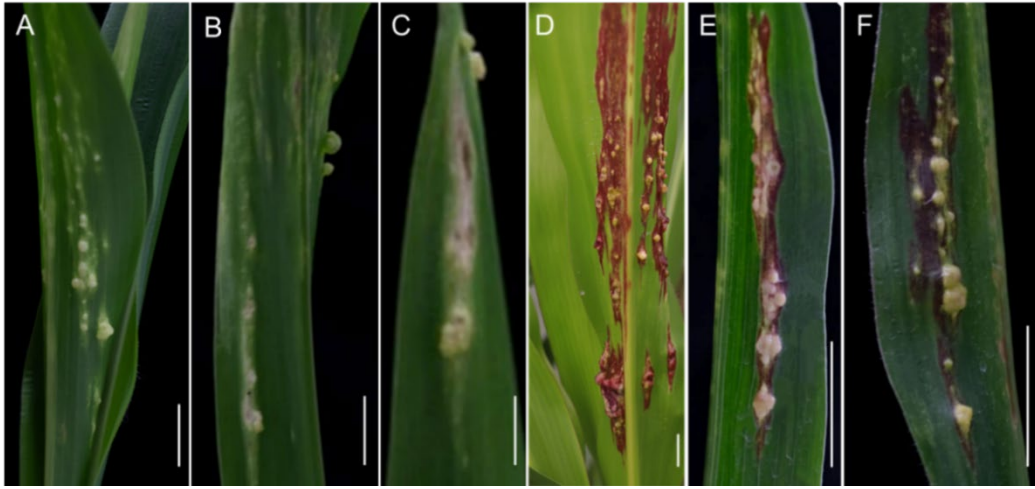


图 14 不同品种玉米 RNAi-*ZmTCTP2a* 对瘤黑粉菌的抗性测定

A: 野生型郑单 958; B: 野生型豫单 959; C: 野生型豫单 8348; D: 郑单 958; E: 豫单 959; F: 豫单 8348; 标尺=2 cm

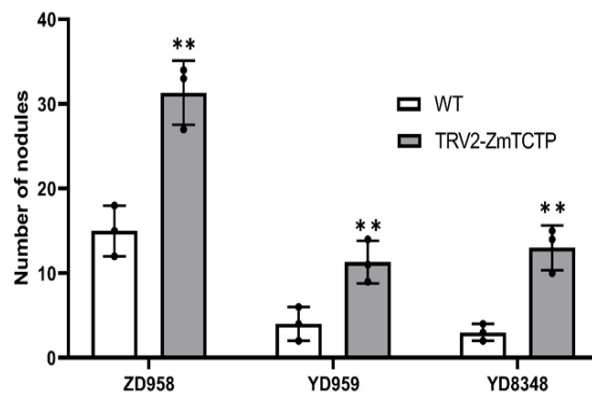


图 15 不同品种玉米 RNAi-*ZmTCTP2a* 对病瘤数量的影响

经 T-test 检验, 星号代表显著差异 (**, $P < 0.01$)

5) 玉米 *ZmTCTP2a* 沉默影响糖代谢途径基因的表达

为了明确 *ZmTCTP2a* 对玉米糖代谢途径的影响, 通过测定玉米糖酵解、三羧酸循环和磷酸戊糖途径关键酶基因表达差异分析, 筛选糖酵解通路关键基因 *ZmH XK1*、*ZmH XK2*、*ZmPK1*、*ZmPK2*、*ZmPFK1* 和 *ZmPFK2*、三羧酸循环-柠檬酸

合酶基因 *ZmCS1* 和磷酸戊糖途径-葡萄糖-6-磷酸脱氢酶基因 *ZmG6PD1* 和 *ZmG6PD2*。以 *ZmActin* 为内参。RT-qPCR 检测结果表明, *ZmTCTP2a* 调控玉米苗期糖酵解、三羧酸循环和磷酸戊糖途径关键酶基因表达, 影响能量供应, 其中主要表现在抑制糖酵解途径 *ZmH XK1*、*ZmH XK2*、*ZmPK1*、*ZmPK2* 和 *ZmPFK2* 的表达, 阻碍磷酸戊糖途径 *ZmG6PD2* 和三羧酸循环基因 *ZmCS1* 的表达水平 (图 12D-E)。

成果 2 的特色及创新点

- 1) 明确了咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫食道腺表达, *Pc-ENG3* 在线虫的侵染致病过程中发挥重要作用;
- 2) 明确了咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 与玉米 *ZmTCTP2a* 互作;
- 3) 首次证实了 *ZmTCTP2a* 基因在调控玉米细胞分化和增殖方面发挥重要作用;
- 4) 解析了效应蛋白 *Pc-ENG3* 反向调控玉米对线虫的抗病能力, 通过“抗病抑制+组织重塑”双重策略促进线虫寄生的分子机制。

成果 2 的学术和应用价值

本研究不仅明确了 *Pc-ENG3* 在咖啡短体线虫侵染致病和 *ZmTCTP2a* 在调控玉米细胞分化和增殖等过程中的生物学功能, 而且首次解析了 *Pc-ENG3* 反向调控玉米对线虫的抗病能力, 通过“抗病抑制+组织重塑”双重策略促进线虫寄生的分子机制, 具有重要的学术价值。本研究明确了 *Pc-ENG3* 蛋白是咖啡短体线虫防治中的一个重要的潜在靶标, 为开发相关病害的防治靶标及植物育种的改良提供了理论基础, 未来在根腐线虫病的防治中可能具有重要的应用价值。

(3) 在教学水平、科研能力、团队建设、社会服务等方面的完成情况

本项目探明了咖啡短体线虫 *Pc-ENG3* 反向调控玉米对线虫的抗病能力, 通过“抗病抑制+组织重塑”双重策略促进线虫寄生的分子机制, 为根腐线虫防治新靶标的筛选提供理论依据。该项目的研究结果已经作为经典案例应用在《作物病虫害防治》、《分子生物学》、《植物病害诊断技术》等本科生/研究生核心课程的教学和实践当中, 拓展作物病虫害检测 and 防治的技术与手段。通过生物技术手段进行作物病虫害的防治是一种新的技术, 具有广阔的应用空间和重大的应用价值。通过本项目的实施, 团队的科研能力得到显著提升, 相关成果在 *The Crop Journal*、*Journal*

of Agricultural and Food Chemistry、BMC Microbiology、Plant Disease 等国际著名期刊发表；团队建设也在不断完善并取得了一系列成绩，荣获 2026 年度河南省高等学校科技进步一等奖（河南省教育厅）。

项目申报和社会服务方面：在本项目的支持下，项目执行期间在项目申报和社会服务等方面积极行动并取得了一系列的成绩。2024 年 4 月获批农业农村部主要粮油作物技术集成成熟化提单产项目：黄淮北部夏玉米单产提升技术集成成熟化(152400049, 2024-2025)；2024 年 12 月获批河南省自然科学基金面上项目：效应蛋白 PcVAP 促进咖啡短体线虫侵染致病的分子机理(252300421420, 2025-2026)；2025 年 4 月获批农业农村部玉米单产提升项目：黄淮北部地区玉米密植单产提升技术集成成熟化(072502034, 2025-2029)；2025 年 12 月团队成员获批河南省自然科学基金青年基金项目：Pc-DUSP 蛋白调控寄主免疫反应促进咖啡短体线虫侵染的分子机制(262300422109, 2026-2027)；2025 年 5 月团队联合郑州澳邦生物科技成立了作物线虫病害防控校企研发中心，通过科技赋能、企业推广在线虫病害的防控等社会服务方面发挥了重要作用。

(4) 不足之处及努力方向

本项目明确咖啡短体线虫 Pc-ENG3 通过与玉米 ZmTCTP2a 互作，反向调控玉米对线虫的抗病能力，促进了线虫的侵染寄生，但其对应在小麦上的相关研究由于时间的关系并未开展相关的工作，这是本研究的不足之处，这部分工作也将是下一步的努力方向和主要研究内容。Pc-ENG3 作为防治根腐线虫的一个潜在靶标具有重要的价值，但其后续在抗病育种中的应用仍然有很长的路要走，这也是我们下一步的研究计划。

培养对象签字：

年 月 日

三、培养期成果一览

1、承担主要教学科研项目及获奖、获得专利情况

(请注明项目名称、项目来源、项目经费、项目起讫时间、所有项目完成人姓名以及项目完成人排序等。如成果获得相应科技奖励, 请注明授奖单位、奖励名称、级别及日期; 如成果获得专利, 请注明获准专利国别、类别及专利号)

项目:

- 1、黄淮海小麦茎基腐病监测、调查及防控技术支撑(072607009), 农业农村部, 30W, 2026.4-2027.12, **李宇**、王珂、孙炳剑、李洪连、徐文、席靖豪;
- 2、黄淮北部地区玉米密植单产提升技术集成熟化(072502034), 农业农村部, 105W, 2025.4-2029.12), **李宇**、王珂、李晓辉、逯麒麟森、李洪连、席靖豪、袁虹霞;
- 3、黄淮北部夏玉米单产提升技术集成熟化(152400049), 农业农村部, 20W, 2024.5-2025.12), **李宇**、王珂、逯麒麟森、席靖豪、李洪连、袁虹霞、李永辉;
- 4、效应蛋白 PcVAP 促进咖啡短体线虫侵染致病的分子机理 (252300421420), 河南省科技厅, 10W, 2025.1-2026.12, **李宇**、王珂、逯麒麟森、李洪连、孙炳剑、袁虹霞。

成果:

- 1、河南省教育厅, 黄淮夏玉米主要病虫害成灾规律与绿色防控技术创新及应用, 科技进步一等奖, 2026.4.22。

专利:

- 1、中国发明专利, 一种玉米翻译控制肿瘤蛋白 ZmTCTP 及其应用, 申请号: 2025103559307, 申请日期: 2025.3.25, 实审。

2、代表性著作、论文

(请注明著作或论文名称、出版单位或发表刊物名称、期号、出版或发表时间、所有著、作者姓名以及作者排序等) 如为外文著作或论文, 须在本栏内逐篇(部) 附上不少于 300 字的中文摘要或核心观点概述, 以便专家评审。

论文:

1. Qin Ling, Lin Fankang, Lv Yunlong, Tai Zelin, Zhang Xu, Li Honglian, **Li Yu***(通讯作者), Wang Ke*. Identification of *Pratylenchus coffeae* as a causal agent of root rot disease in Sorghum bicolor in China. BMC Microbiology, 2025, 25, 41. (第一标注)

摘要: 高粱 (*Sorghum bicolor*) 是一种重要的粮食作物和饲料作物。根腐线虫 (*Pratylenchus* spp.) 是一类致病性线虫, 对多种粮食和经济作物造成严重经济损失。本研究在中国山西省的高粱田中发现了生长迟缓、根部呈褐色并腐烂的病株。通过改良的巴尔曼漏斗法分离出一种根腐线虫 GL-1 种群。结合形态学和分子生物学鉴定, 确认其为咖啡短体线虫 (*Pratylenchus coffeae*)。此外, 我们通过温室盆栽接种测定了 GL-1 及其他四种 *P. coffeae* 种群对高粱的寄生性和致病性。接种 60 天后结果表明, 这五种 *P. coffeae* 种群均能侵染并危害高粱。高粱是 *P. coffeae* 的理想宿主 ($R_f > 1$)。此外, 与对照组相比, 五种 *P. coffeae* 种群所导致的高粱地上部分鲜重和根部鲜重显著增加。接种组的病原性显著降低, 根部出现褐色斑点甚至坏死腐烂。这五个种群对高粱均具有高度致病性, 但各种群之间的致病性存在显著差异。本研究结果为高粱根腐线虫的识别和检测提供了科学依据。

本项目对黄淮地区高粱、小麦、玉米等多种作物根际土壤样品中的根腐线虫进行了分离、鉴定。鉴定到 *P. coffeae*、玉米短体线虫等多个根腐线虫。明确了 *P. coffeae* 是黄淮地区的优势种, 其对多种作物表现出很强的致病力。首次在中国发现由 *P. coffeae* 引起的高粱根腐病。因此, 本研究在上述基础上以根腐线虫优势种-*P. coffeae* 为研究靶标进行后续的研究。

2. Wang Shuo, Wang Ke, Niu Wenlong, Lin Fankang, Dababat. Abdelfattah A, Shi Yan, Yuan Hongxia, Xia Yanhui, Li Honglian, **Li Yu***(通讯作者). *Pratylenchus coffeae* effector PcENG3 targets the maize TCTP protein to facilitate parasitism. The Crop Journal, 2026, 14(2), 388–399. (第二标注)

该成果是本项目的主要研究内容。

摘要：咖啡短体线虫 (*Pratylenchus coffeae*) 是一种广泛分布的迁徙性内寄生线虫，对多种作物造成显著产量损失，其成功寄生依赖于分泌调节宿主细胞过程的效应蛋白。本研究中，我们鉴定出一种新型的 β -1,4-内切葡聚糖酶基因 *Pc-ENG3*，其在咖啡短体线虫的食道腺细胞和生殖腺特异性表达，并在寄生阶段显著上调。酵母信号肽检测证实，*Pc-ENG3* 的 N 端信号肽具有功能，表明其可能参与分泌。在咖啡线虫中沉默 *Pc-ENG3* 后，其对玉米的侵染能力明显下降。将 *Pc-ENG3* 转入拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 后，可抑制由 *flg22* 触发的活性氧生成。*Pc-ENG3* 的积累导致对线虫感染的易感性增强。酵母两杂交和荧光素酶补体成像分析显示，*Pc-ENG3* 与玉米 *ZmTCTP2a* 之间存在直接相互作用，而 *ZmTCTP2a* 是一种在细胞增殖和免疫调节中起调控作用的翻译后调控型肿瘤蛋白。在玉米中抑制 *ZmTCTP2a* 的表达会增加对咖啡短体线虫的易感性，并削弱对多种病原的免疫应答。综上所述，我们的研究揭示了一种此前未被阐明的效应子-宿主相互作用：*PcENG3* 靶向 *ZmTCTP2a*，从而抑制免疫反应以及根尖细胞的增殖与分化，进而促进线虫寄生。本研究解析了效应蛋白 *Pc-ENG3* 反向调控玉米对线虫的抗病能力，通过“抗病抑制+组织重塑”双重策略促进线虫寄生的分子机制。

3. Gao Lingling, Lv Yunlong, Zhang Can, Niu Wenlong, Li Honglian, **Li Yu**, Wang Ke*. Discovery of *Pratylenchus zae* causing root rot of winter wheat in Anhui Province of China. Plant disease, 2025, 109(8), 1794. (第三标注)

摘要：根腐线虫-玉米短体线虫 (*Pratylenchus zae*) 是一种严重危害多种粮食作物和经济作物中的植物病原线虫。小麦是中国安徽省最重要的粮食作物之一。本课题组在中国安徽省亳州市瑶阳县冬小麦田开展了根腐线虫调查。样本采集于小麦收获前约 20 天。调查发现小麦植株生长不良，根部有明显褐色病斑。使用改良的曼漏斗分离根腐线虫。在 8 个采集样本中检测到根腐线虫，每克根部平均含 51 条线虫，每 100 立方厘米土壤中含有 128 条线虫。依据形态学和分子生物学特征确认该种群的形态特征和分子序列与玉米短体线虫相一致。形态学和分子数据均证实了 *P. zae* 的存在。致病力结果表明该线虫种群能有效感染并繁殖于该小麦品种上。此前仅在中国山西省报告过 *P. zae* 侵染冬小麦的情况。这是中国安徽省首次报道玉米短体线虫侵染冬小麦。由于 *P. zae* 可能严重危害冬小麦，应采取战略性措施防止该线虫扩散至其他地区。

4. Wang Shuo, Niu Wenlong, Wang Ke, Xu Feifei, Dababat. Abdelfattah A, Shi Yan, Yuan Hongxia, Wang Hua, Xia Yanhui, Li Honglian, **Li Yu***(通讯作者). *Pratylenchus coffeae* effector PcENG2 targets the maize Chitinase ZmCHI5 to promote parasitism. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2025, 73(43), 27435–27449. (第四标注)

摘要：咖啡短体线虫 (*Pratylenchus coffeae*) 是一种具有重要致病性的根部病原线虫，其分泌效应蛋白以调控宿主生理过程并促进寄生。本研究对 PcENG2 进行了研究，该蛋白为一种 β -1,4-内切葡聚糖酶，定位在线虫食道腺细胞中，并在感染过程中被分泌到植物组织。PcENG2 的表达在 *P. coffeae* 早期寄生阶段显著上调。通过免疫定位和免疫电子显微镜分析表明，PcENG2 可促进细胞壁和糊精的降解。此外，在拟南芥中异位表达时，PcENG2 还抑制了宿主活性氧 (ROS) 的产生，并增强了宿主对 *P. coffeae* 的易感性。PcENG2 能直接与玉米 (*Zea mays*) 中的几丁质酶相互作用，而几丁质酶是关键的防御相关蛋白。这种相互作用可抑制几丁质酶的酶活性，从而保护线虫卵免受降解。病毒诱导的基因沉默 (VIGS) 实验表明，ZmCHI5 在玉米中对线虫具有广谱抗性。综上所述，这些发现表明 PcENG2 是一种关键效应蛋白，能够调节宿主免疫应答，从而促进 *P. coffeae* 的侵染。

四、资助项目决算表

项目金额	3 万元
列出经费使用方向，包括购买实验仪器设备、耗材、图书资料、学术交流等费用。 项目总经费 3 万元，执行率 100%，其中用于购买实验试剂耗材 1.7 万元，专利申请代理费 0.5 万元，论文发表版面费 0.8 万元 。	

五、考核结论

主要包括：项目完成情况，在教学水平、科研能力、团队建设、社会服务等方面完成培养计划情况，今后发展意见建议和努力方向。考核等次意见。 考核专家组长： 年 月 日
--

六、鉴定专家名单

姓名	职称	学科专业领域	单位	签字

七、学校意见

校长签名：
公 章
年 月 日

附件 2

河南省高等学校青年骨干教师考核结果汇总表

培养编号	学校	培养对象	项目名称	考核结论	只统计符合条件的培养期成果数量 (论文论著须标注来源, 奖励专利须相关)			
					论文	论著	省级及以上 教科研奖励	专利及其他
2023 GGJS 032	河南农业大学	李宇	小麦根腐线虫 Pc-ENG3 蛋白调控寄主免疫反应促进侵染的分子机制		4(SCI)		1	

注：考核结论为合格、暂缓验收、不合格。