DOI:10.15886/j.cnki.rdswxb.2014.01.001

文章编号:1674 - 7054(2014)01 - 0030 - 06

水稻 *OsNHO1* 基因 cDNA 序列分离及表达分析

高志亮[1,2],肖晓蓉[1,2],陈 艳[3],黎秀琼[1,2],符秀梅[1,2],林道哲[1,2],陈银华[1,2]
(1. 海南大学 热带生物资源可持续利用重点实验室,海南 海口 570228;
2. 海南大学 农学院,海南 海口 570228;3. 北京农学院,北京 102206)

摘 要: OsNHO1是一种甘油激酶,受多种因素的诱导,在植物先天免疫反应中起着重要的作用。笔者采用同源序列法,根据已报道的拟南芥 *NHO1* 基因序列结合水稻基因组测序结果,筛选水稻 *OsNHO1* 基因,采用RT-PCR获得水稻 *OsNHO1* 基因全长cDNA(1 590 bp,529AA),并通过半定量RT-PCR方法分析 *OsNHO1* 基因在SA,PXO99刺激下的表达模式,结果显示 *OsNHO1* 基因的表达受SA,PXO99的诱导,为进一步研究 *OsNHO1* 的具体功能和作用机理奠定了基础。

关键词: 白叶枯病;植物先天免疫反应;非寄主抗性;*OsNHO1* 基因;半定量RT-PCR
中图分类号: Q 943.2;S 511 **文献标志码:** A

非寄主抗性是植物界中广泛存在的植物防卫机制,它能使植物有效地察觉并逃避潜在的微生物。非寄主激发子在非寄主抗性和引起可诱导的防御反应的早期阶段产生,PAMPs(Pathogen-associated molecular patterns)是非寄主植物与病原物相互作用的主要诱导物[1]。目前有2种非寄主抗性的模型,一种模型认为由于缺少真菌效应蛋白使PMAPs触发了植物的防御反应,从而产生持久抗性;而另一种模型认为许多 *R* 基因编码NBS-LRR蛋白质同时识别许多无毒基因(*Avr*)编码的效应蛋白,从而产生持久抗性[2]。研究表明:模式生物拟南芥对其非寄主假单胞菌的抗性主要是以鞭毛蛋白和其它病原菌相关分子模式激活的非特异防卫反应为主,其中一个重要基因就是 *NHO1*[3]。LU等[3]从10个对菜豆晕斑病菌(*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*)非寄主抗性有所降低的拟南芥突变体中,筛选得到 *nho1* 突变系,并分离获得 *NHO1*。*NHO1* 是一种隐性突变基因,编码甘油激酶,该酶属于ATP酶系(该酶系具有相似的空间结构,即 $\beta\beta\beta\alpha\beta\alpha\beta\alpha$ 重复的折叠),甘油激酶是防御Pseudomonas菌的专化酶[3-7]。

研究发现,在病原物相关分子模式触发的免疫(PAMP-triggered immunity, PTI)中,PAMP能激发 *NHO1* 基因表达,*NHO1* 基因被认为是抵御多重复合非宿主病原菌 *P. syringase* 的关键基因[8-9],具有对非寄主病原菌的非特异抗性。在拟南芥对非寄主病原菌产生的"基因对基因"抗性中,*NHO1* 亦不可缺少,而对于毒性假单孢菌,*NHO1* 似乎并没有起到任何抗性作用,说明毒性假单孢菌能利用某种特殊机制克服或逃避这种抗性。有趣的是,研究还发现 *P. syringae* pv. tomato DC3000携带的效应基因 *avrB* 能诱导而非抑制 *NHO1* 基因的表达。*avrB* 激活了基因对基因的抗性,并通过作用于茉莉酸信号途径的上游或下游而阻断了这种毒性假单胞菌对 *NHO1* 基因表达的抑制[4]。

PTI在水稻广谱抗病中也至关重要,但在PTI信号通路中发挥重要作用的基因还有待研究。通过同源性分析,发现水稻中也含有类似于拟南芥 *NHO1* 的基因,该基因功能尚缺乏研究。笔者在充分借鉴模式植物现有研究的基础上,结合水稻基因组测序数据,从水稻基因组中候选了水稻 *OsNHO1* 基因,经RT-

收稿日期: 2014 - 02 - 26
基金项目: 转基因生物新品种培育重大专项(2009ZX08009 - 41B);国家自然科学基金(31260345);海南省重大科技项目(ZDZX2013023 - 2);公益性行业科研专项(201403075)
作者简介: 高志亮(1987 -),男,研究方向:植物抗病分子育种. E-mail:924514237@qq.com
通信作者: 陈银华(1976 -),男,教授,博士生导师. E-mail:yhchen@hainu.edu.cn

PCR 分离全长基因后对其应答不同刺激的表达模式进行分析,旨在从表达层面明确该基因可能参与的应答途径,为该基因的功能鉴定打下基础。

1　材料与方法

1.1　实验材料　病原菌: 黄单胞杆菌水稻致病变种(*Xanthomonas. oryzae* pv. *oryzae*) 的一个致病小种 PXo99(R6) ,在 PSA 培养基上划线培养后挑单菌落,单菌落继续在 PSA 培养基上培养,用无菌水稀释菌的 OD_{600}值至0.5。水稻: 日本晴(*Oryza sativa* L. cv. Nipponbare) (NB) 由本实验室提供。试剂: 限制性内切酶 *EcoR* Ⅰ购自 NEB 公司、LA *Taq* 酶购自 Takara 公司,100 bp Marker,AL 2000 Marker,AL 10000 Marker,pGEMT-easy 载体购自艾德莱公司,Solarbio 公司琼脂糖凝胶回收试剂盒,Trizol Reagent,RevertAid™ Minus First Strand cDNA Synthesis Kit 购自 Fermentas 公司。

1.2　水稻样品的处理　水稻种子于 28 ℃下催芽后播种,待水稻长至 4 ~ 8 叶期时用黄单胞菌 R6 小种对其进行剪叶接种,每种处理各 8 株,每株处理 3 片叶。用 2 mmol · L^{-1}的水杨酸对其他未处理单株进行整株喷雾接种,每种处理各 8 株。在接种前 0 h 与接种后 0.5,1,3,6,9,12,24 h 等 8 个时间段取样,每个时间段取 3 片叶。取样后叶片置于 - 80 ℃冰箱冷冻保存。

1.3　水稻 *OsNHO1* 基因全长 cDNA 序列的分离　借鉴拟南芥基因 *AtNHO1*(NC003070.9) 的序列信息,利用已公布的水稻基因组全长序列,通过生物信息学分析软件从水稻中获得 *NHO1* 基因同源序列(LOC_Os04g55410) ,根据 CDS 序列设计该基因全长 cDNA 引物,在引物两端加上 *Bam*H Ⅰ/*Sac* Ⅰ酶切位点,引物为: fP - F: 5′ - GGGGATCCATGGCGGAGGAGGTGTATGTC - 3′,fP - R: 5′ - CGAGCTCCTAAAGAGAAAG-GTCAGCCAAATC - 3′。以特异性引物 NHO1 - F 和 NHO1 - R 扩增,PCR 反应条件为: 94 ℃预变性 3 min,94 ℃变性 30 s,55 ℃退火 30 s,延伸 1 min 30 s,共 30 个循环,最后 72 ℃延伸 7 min,4 ℃保温。扩增产物经 $w = 1\%$ 琼脂糖凝胶电泳检测。

胶回收试剂盒回收 PCR 条带,回收产物与 pGEM-T 载体连接,热击法转化大肠杆菌。进行蓝白斑筛选,挑取转化菌的白斑摇菌,碱裂解法提取质粒,*Eco*R Ⅰ酶切检测(NEB 公司的限制性内切酶) 。阳性重组克隆测序鉴定。

1.4　水稻 *OsNHO1* 基因的半定量 RT-PCR　取在 - 80℃保存的处理过的水稻叶片,各个时间点的样品单独提取水稻总 RNA,琼脂糖凝胶电泳及浓度检测后,将 RNA 进行反转录,合成第一链 cDNA,RNA 提取及第一链 cDNA 合成步骤分别按照 TriZOL 和 RevertAid™ Frist Strand cDNA Synthesis Kit 使用说明书进行。

RNA 样品经水稻甘油醛 - 3 磷酸脱氢酶(OsGAPDH) (登录号: AF357884.1) 均一化处理,RT - PCR分析基因的表达量。所用引物序列: GAPDH - F: 5′ - ACAGGGGAGTTGTGTTTTGC - 3′,GAPDH - R: 5′ - CCCAACCAACCACCATGATA - 3′; OsNHO1 - F: 5′ - ACTAGTCGGAGAGAATTGGTGTGGTT - 3′,OsNHO1 - R: 5′ - GAGCTCTGTCTCGATGTCAGCAGGTC - 3′。

2　结果与分析

2.1　水稻 *OsNHO1* 基因全长 cDNA 分离

2.1.1　*OsNHO1* 基因全长 cDNA 扩增　以水稻总 RNA 反转录第一链 cDNA 为模板,用引物fP - F、fP - R 进行 PCR 扩增,1.0% 琼脂糖凝胶电泳结果显示,获得约 1 600 bp 的片段,与预期大小一致(见图 1) 。

2.1.2　菌落 PCR 检测　经蓝白斑筛选,挑选白斑进行 PCR 鉴定,蓝斑和水做对照。结果显示,7 个白斑都扩增出了与目的片段大小一致的条带,蓝斑和水没有条带,表明获得了阳性重组菌落(见图 2) 。

2.1.3　酶切鉴定　经菌落 PCR 检测为阳性的菌落,摇菌提取质粒并电泳检测后用 *Eco*R Ⅰ酶切鉴定,电

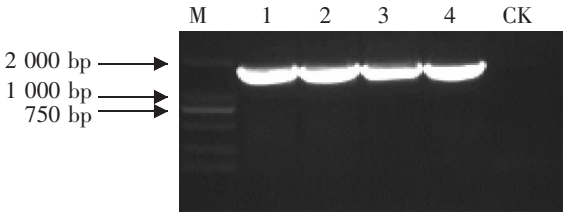


图 1　*OsNHO1* 基因全长扩增

M: Marker; 1 ~ 4: 模板 cDNA; CK: H_2O

Fig. 1　Full-length amplification of *OsNHO1*

M: Marker; 1 ~ 4: Template cDNA; CK: H_2O

泳结果见图 3。阳性克隆酶切显示 3 条带，分别约为3 000 bp，1 000 bp 和 500 bp 的条带。阴性克隆酶切结果显示为 1 条带，推测获得了重组克隆，出现 3 条带可能是因为在目的片段中间存在 *Eco*R Ⅰ位点，该载命名为 pGEM－OsNHO1。

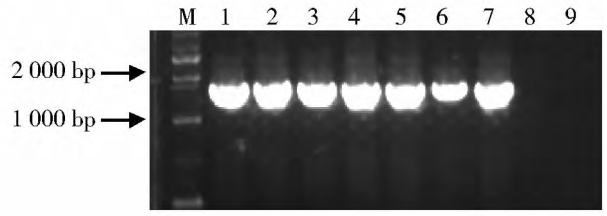


图 2 菌液 PCR 鉴定

M: 10 000 marker; 1～7: 白斑扩增结果; 8: 蓝斑扩增结果; 9: H_2O

Fig. 2 Validation of recombinant by PCR

M: 10 000 marker; 1～7: White spots amplification results; 8: Blue spots amplification results; 9: H_2O

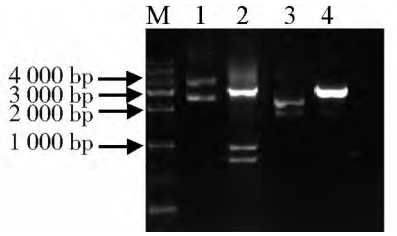


图 3 重组克隆酶切鉴定

M: Marker; 1，2: 分别为酶切前和酶切后的白斑质粒; 3，4: 分别为酶切前和酶切后的蓝斑质粒

Fig. 3 Validation of recombinant by enzyme digestion

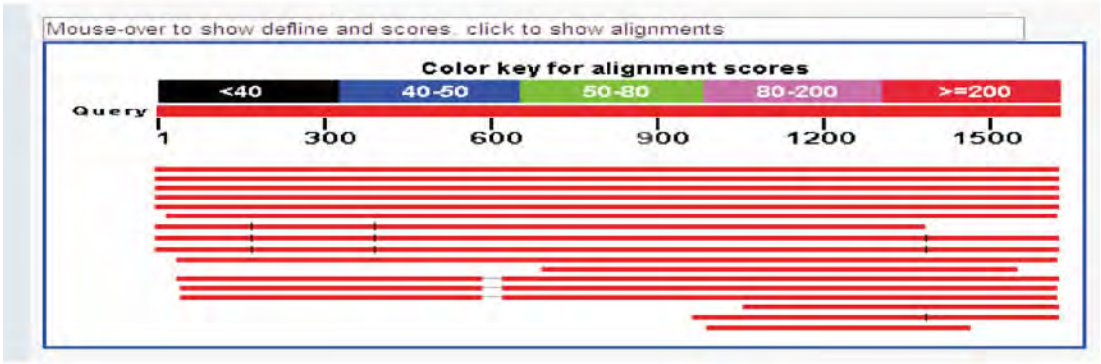
M: Marker; 1, 2: The leukoplakia plasmid before and after enzyme digestion, respectively; 3, 4: The locus coeruleus plasmid before and after enzyme

2.1.4 *序列测序及分析* 阳性重组克隆测序结果表明，该基因编码框全长 1 590 bp，编码 529 个氨基酸。应用 Blastn 软件对候选基因的 cDNA 进行同源分析，结果发现，该基因的碱基序列与水稻甘油激酶类似基因同源性最高，达到 99%。Blastx 软件分析该分离基因编码的氨基酸序列与水稻丙三醇激酶类似蛋白(AY377833)同源性也为 99%。该蛋白含有 FGGY 超级家族的保守结构域，而在 FGGY 超级家族进化树分析中甘油激酶保守性明显高于其他亚家族，推测其可能编码甘油激酶，该基因命名为 *OsNHO*1 (LOC_Os04g55410)基因(见图 4)。

```
A   1   ATGGCGGAGGAGGTGTATGTCGCGTCGATCGACCAGGGCACGACGAGCACGCGGTTCATC
        M  A  E  E  V  Y  V  A  S  I  D  Q  G  T  T  S  T  R  F  I
   61   GTCTACGACCGCCACGCCAAGCCCGTCGCGTCGCATCAGCTCGAGTTCAAGCAGCACTAC
        V  Y  D  R  H  A  K  P  V  A  S  H  Q  L  E  F  K  Q  H  Y
  121   CCGGAGGCTGGATGGGTTGAGCATGATCCTATGGAGATTATGGAGAGTGTGAAGATATGC
        P  E  A  G  W  V  E  H  D  P  M  E  I  M  E  S  V  K  I  C
  181   ATGGCGAAGGCACTTGACAAAGCTGCAGCTGATGGTCATAATATGGATGTTGGACTGAAG
        M  A  K  A  L  D  K  A  A  A  D  G  H  N  M  D  V  G  L  K
  241   GCCATTGGTATTACAAATCAGAGGGAAACCACTGTTATGTGGAGCAAATCCACAGGCCTT
        A  I  G  I  T  N  Q  R  E  T  T  V  M  W  S  K  S  T  G  L
  301   CCTCTATACAATGCCATTGTATGGATGGATGCTCGCACAAGCCCCATTTGCAGGAGATTG
        P  L  Y  N  A  I  V  W  M  D  A  R  T  S  P  I  C  R  R  L
  361   GAAAGTGATCTTTCTGGTGGTAGAACCCACTTTGTCGAGACATGTGGATTGCCAATCAGT
        E  S  D  L  S  G  G  R  T  H  F  V  E  T  C  G  L  P  I  S
  421   ACCTATTTCAGTGCTTTGAAGGTGTTATGGTTGATCGAAAATGTGGATGCCGTCAAGAAT
        T  Y  F  S  A  L  K  V  L  W  L  I  E  N  V  D  A  V  K  N
  481   GCAGTCCGAGCTGGTGATGCCTTATTTGGCACAATTGACACCTGGTTAATCTGGAACCTC
        A  V  R  A  G  D  A  L  F  G  T  I  D  T  W  L  I  W  N  L
  541   ACAGGAGGCATTGGCGGGACAGATCGTGATGGAAATAAAGTATTTGGGCACCATGTCACA
        T  G  G  I  G  G  T  D  R  D  G  N  K  V  F  G  H  H  V  T
  601   GACTGCTCCAATGCATCTCGCACAATGCTTATGAACCTGAAGGCACTTGACTGGGACAAA
        D  C  S  N  A  S  R  T  M  L  M  N  L  K  A  L  D  W  D  K
  661   CCAACACTTGAGACGTTAGGAATTCCTGCTGAGATATTGCCCAAAATTATCAGTAACTCG
        P  T  L  E  T  L  G  I  P  A  E  I  L  P  K  I  I  S  N  S
  721   GAGAGAATTGGTGTGGTTGCCAATGGGTTTCCCTTGGCGGCGCGTCCCTATTGCTGGGTGC
        E  R  I  G  V  V  A  N  G  F  P  L  A  G  V  P  I  A  G  C
  781   CTAGGAGACCAGCATGCTGCAATGCTTGGGCAGCTGTGCCAGAAAGGTGAAGCCAAAAGC
        L  G  D  Q  H  A  A  M  L  G  Q  L  C  Q  K  G  E  A  K  S
  841   ACCTACGGAACTGGTGCCTTCATTCTTCTCAACACAGGGGAGGAGCCTACCCAATCCTCC
        T  Y  G  T  G  A  F  I  L  L  N  T  G  E  E  P  T  Q  S  S
```

```
901  CATGGTCTTCTTAGCACGATTGCTTATAAGCTTGGCCCAAGCGCACCCACTAATTATGCT
       H  G  L  L  S  T  I  A  Y  K  L  G  P  S  A  P  T  N  Y  A
961  CTAGAAGGCTCCATCGCAATTGCTGGTGCCGCAGTTCAGTGGTTGAGAGACAGCCTTGGA
       L  E  G  S  I  A  I  A  G  A  A  V  Q  W  L  R  D  S  L  G
1021 ATCATTAGCACAGCAGCTGATATTGAAAAGTTGGCTGATACTGTGCAGGATTCAGGTGGA
       I  I  S  T  A  A  D  I  E  K  L  A  D  T  V  Q  D  S  G  G
1081 ATATACTTTGTTCCAGCATTCAATGGGTTGTTTGCACCATGGTGGAGGGATGATGCAAGA
       I  Y  F  V  P  A  F  N  G  L  F  A  P  W  W  R  D  D  A  R
1141 GGCATATGTATAGGAATCACACGGTTCACTAACAAGGGGCACATTGCTCGAGCAGTGCTC
       G  I  C  I  G  I  T  R  F  T  N  K  G  H  I  A  R  A  V  L
1201 GAGAGTATGTGCTTTCAGGTGAATGATGTCCTCAGCTCCATGCACAAGGATGCTGGGGAG
       E  S  M  C  F  Q  V  N  D  V  L  S  S  M  H  K  D  A  G  E
1261 GCAGGAGAAGTGAAGAGTGCAGAAGGGGAGTTCCTGCTGCGCGTTGATGGTGGTGCTACT
       A  G  E  V  K  S  A  E  G  E  F  L  L  R  V  D  G  G  A  T
1321 GTCAACAATCTTCTCATGCAGATCCAGGCTGATTTATTGGGTAGCCCTGTTGTCAGACCT
       V  N  N  L  L  M  Q  I  Q  A  D  L  L  G  S  P  V  V  R  P
1381 GCTGACATCGAGACAACTGCCCTTGGAGCTGCGTATGCAGCTGGATTAGCTGTTGGAGTC
       A  D  I  E  T  T  A  L  G  A  A  Y  A  A  G  L  A  V  G  V
1441 TGGTCGAAGGAACAAATTTTCGCTGGTTTGCACAAGGAGAACACCAGAGTCTTCCGCCCG
       W  S  K  E  Q  I  F  A  G  L  H  K  E  N  T  R  V  F  R  P
1501 AAATTGGATGAGGCCCACAGGAGGAAGAGAGCAGACTCCTGGTACAAGGCCGTTTCAAGA
       K  L  D  E  A  H  R  R  K  R  A  D  S  W  Y  K  A  V  S  R
1561 TCATTTGATTTGGCTGACCTTTCTCTTTAG
       S  F  D  L  A  D  L  S  L  *
```

B



C

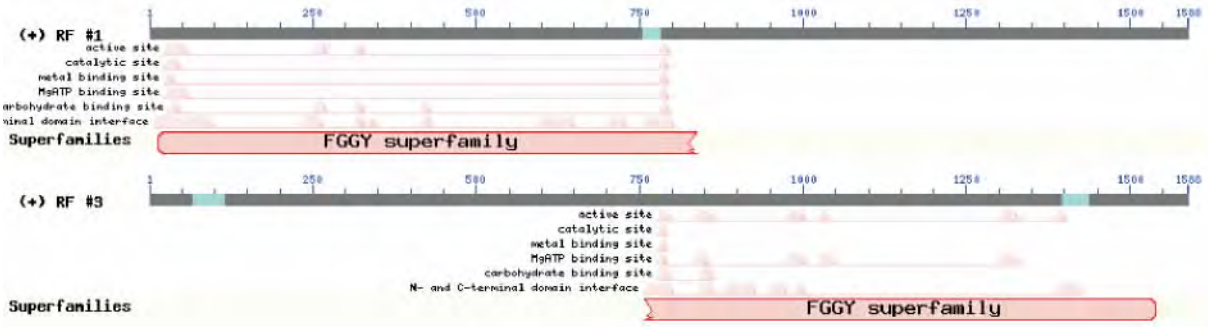


图 4　序列同源比对图

A. Blastn **比对**; B. Blastx **比对**; C. **预测结构域**

Fig. 4　Sequence alignment

A: The result of Blastn; B: The result of Blastx; C: Domain of prediction

2.2　水稻 *OsNHO1* 基因的半定量 RT-PCR 表达分析　分别提取 SA 处理、PXo99 处理和野生型水稻 NB 的叶片总 RNA。以 *OsGAPDH* 为内参基因，对 *OsNHO1* 基因受到不同外界刺激诱导下的表达情况进行分析(见图 5)。结果表明: 水杨酸喷雾处理水稻后，水稻中 *OsNHO1* 基因表达量较弱，在 6 h 和 9 h 有上升趋

势,但幅度不大,12 h 恢复到未处理水平;白叶枯病菌 R6 小种接种水稻后,水稻中 *OsNHO*1 基因表达量明显增强,并且随着处理时间增加,表达量呈现先上升后下降的趋势,在 3 h 时表达量上升,9 h 时达到表达高峰,随后该基因的表达量逐渐下降,24 h 恢复到未处理水平。

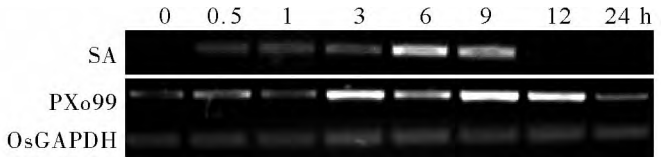


图 5 *OsNHO*1 在不同处理下的表达

***OsGAPDH*: 内参对照; 0 ~ 24: 不同处理时间**

Fig. 5 Expression profiling of *OsNHO*1 gene

OsGAPDH: Internal control; 0 ~ 24: Time of different treatments

3 讨 论

*OsNHO*1 是一种隐性突变基因,编码甘油激酶,甘油激酶是碳水化合物激酶 FGGY 家族的一个亚家族,甘油激酶在甘油代谢中是一个限速酶,它促使甘油转化为三磷酸甘油[5-7]。甘油激酶,在拟南芥中是拟南芥抗性必需的,非寄主假单孢杆菌菌株能诱导 *AtNHO*1 的转录,*AtNHO*1 也是对真菌病原物葡萄孢菌(*Borrytis cinerea*)产生抗性必需的,说明 *AtNHO*1 不只对细菌产生抗性还对真菌病害产生抗性[10];有研究表明,丁香假单胞菌番茄变种能够抑制 *AtNHO*1 的转录,而在 *coil* 突变体中是通过 SA 信号途径来抑制 *AtNHO*1 的表达,在 PTI 通路中 *AtNHO*1 处于下游,在一些非宿主病原菌抗性中参与 SA,JA 信号通路,从这些结果可以推测 *NHO*1 参与 SA 和 JA 信号途径,并在非寄主病原菌抗病中起到一定的作用[11-15]。有证据表明 PTI 在水稻广谱抗病中也至关重要,基于这些研究,笔者扩增了水稻 *OsNHO*1 基因的 cDNA 全长,并对外源因素处理后 *OsNHO*1 基因的表达进行了分析,结果显示外源水杨酸喷雾处理水稻时,水稻 *OsNHO*1 基因的表达量在 6,9 h 时出现峰值,表明水稻 *OsNHO*1 基因位于 SA 信号的下游,能响应 SA 诱导表达;病原菌 PXO99 处理后 9,12 h 出现峰值,表达量有明显的增高,意味着该基因能响应病原菌的浸染,这些结果与拟南芥 *AtNHO*1 相一致。根据现有研究结果,推测 *OsNHO*1 能通过 SA 信号途径来调控水稻免疫反应,但 *OsNHO*1 基因在水稻抗病中发挥怎样的作用及其机理如何尚待进一步研究。

参考文献:

[1] NURNBERGER T, LIPKA V. Non-host resistance in plants: new insights into an old phenomenon [J]. Mol. Plant Pathol., 2005, 6: 335 - 345.

[2] JONES J D G, DANGL J L. The plant immune system [J]. Nature, 2008, 342: 323 - 329.

[3] LU M, TANG X, ZHOU J M. *Arabidopsis NHO*1 is required for general resistance against *Pseudomonas* bacteria [J]. Plant Cell, 2001, 13: 437 - 447.

[4] REIZER A, DEUTSCHER J, SAIER M H. Analysis of the gluconate (*gnt*) operon of *Bacillus subtilis* [J]. Mol. Microbiol., 1991, 5: 1081 - 1089.

[5] HURLEY J H, FABER H R, WORTHYLAKE D. Structure of the regulatory complex of *Escherichia coli* III Glc with glycerol kinase [J]. Science, 1993, 259: 673 - 677.

[6] ABEL S, NGUYEN M D, THEOLOGIS A. The PS-IAA4/5-like family of early auxin-inducible mRNAs in *Arabidopsis* [J]. J. Mol. Biol., 1995, 251: 533 - 549.

[7] LI K, LI J X, ZHOU J M. Interplay of the *Arabidopsis* nonhost resistance gene *NHO*1 with bacterial virulence [J]. PNAS, 2003, 39: 15 - 24.

[8] REYMOND P, FARMER E E. Jasmonate and salicylate as global signals for defense gene expression [J]. Curr. Opin. Plant Biol., 1998, 1: 404 - 411.

[9] RITTER C, DANGL J L. The *Pseudomonas syringae* pv. *maculicola avrRpm*1 gene is required for virulence on *Arabidopsis* [J]. Mol. Plant Microbe Interact., 1995, 8: 444 - 453.

[10] CHEN H L, WANG Y Q, CHU C C, et al. Plant non-host resistance: current progress and future prospect [J]. Hereditas, 2008, 30: 977 - 982.

[11] THOMMA B P, EGGERMONT K, PENNINCKX I A, et al. Separate jasmonate-dependent and salicylate-dependent defense-response pathways in *Arabidopsis* are essential for resistance to distinct microbial pathogens [J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1998, 95: 15107 - 15111.

[12] MELLERSH D G, HEATH M C. An investigation into the involvement of defense signaling pathways in components of the nonhost resistance of *Arabidopsis thaliana* to rust fungi also reveals a model system for studying rust fungal compatibility [J]. Mol. Plant Microbe Interact., 2003, 16: 398 - 404.

[13] VAN WEES S C, GLAZEBROOK J. Loss of non-host resistance of *Arabidopsis NahG* to *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* is due to degradation products of salicylic acid [J]. Plant J., 2003, 33: 733 - 742.

[14] GAFFNEY T, FRIEDRICH L, VERNOOIJ B. Requirement of salicylic acid for the induction of systemic acquired resistance [J]. Science, 1993, 261: 754 - 756.

[15] XIE D X, FEYS B F, JAMES S. *COI*1: an *Arabidopsis* gene required for jasmonate-regulated defense and fertility [J]. Science, 1998, 280(5366): 1091 - 1094.

Isolation and Expression Profiling of Rice *OsNHO*1 Full-length cDNA

GAO Zhiliang[1,2], XIAO Xiaorong[1,2], CHEN Yan[3], LI Xiuqiong[1,2],
FU Xiumei[1,2], LIN Daozhe[1,2], CHEN Yinhua[1]

(1. Hainan Key Laboratory for Sustainable Utilization of Tropical Bioresources, Hainan University, Haikou 570228, China;
2. College of Agronomy, Hainan University, Haikou 570228, China; 3. Beijing University of Agriculture, Beijing 102206, China)

Abstract: Arabidopsis non-host resistance gene (*AtNHO*1) encodes a putative glycerol kinase and plays an important role in plant PAMPs triggered immunity (PTI). The full length cDNA of rice (*Oryza sativa*) gene *OsNHO*1 was isolated by reverse transcription PCR, and the sequencing result showed that the open reading frame of *OsNHO*1 is 1 590 bp, encoding a 529 amino acids with a conserved NBD-sugar-kinase domain similar with *NHO*1 from *Arabidopsis*. Bioinformatics analysis showed that the amino acid sequence of the *OsNHO*1 is 99% similar with that of the *NHO*1 from *Arabidopsis* thaliana. Semi-quantitative RT-PCR analysis of the expression of *OsNHO*1 induced by SA and PXO999 showed that the *OsNHO*1 gene expression was induced by SA, PXO99, indicating that *OsNHO*1 is related to SA-mediated signaling transduction pathway and plays a key role in rice PAMPs triggered immunity (PTI).

Key words: *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*; plant immune response; non-host resistance; *OsNHO*1 gene; semi-quantitative reverse transcription polymerase chain reaction