

# 马铃薯对疮痂病致病毒素应答的差异蛋白质组学研究

庞泽 田国奎 王海艳 李凤云 潘阳 李明雪 王立春

(黑龙江省农业科学院克山分院/农业农村部马铃薯生物学与遗传育种重点实验室/  
黑龙江省马铃薯种质资源与遗传改良工程技术中心, 161000, 黑龙江齐齐哈尔)

**摘要** 为明确马铃薯应答疮痂病致病毒素 Thaxtomin A 的蛋白质组学响应机制, 以马铃薯品种克新 19 号为试验材料, 采用 TMT 标记定量蛋白质组学技术, 对经毒素处理和对照的马铃薯叶片进行差异蛋白质组学分析。共鉴定出差异表达蛋白 (DEPs) 130 个, 其中上调表达 80 个, 下调表达 50 个。GO 和 KEGG 富集分析表明, 差异蛋白显著富集于防御反应、植物 MAPK 信号通路、S-腺苷甲硫氨酸生物合成和内质网蛋白质加工等生物学过程, 揭示马铃薯对疮痂病致病毒素的响应涉及复杂的生理生化调控网络。通过蛋白互作网络分析筛选出连接度最高的核心蛋白 M1ASG7, 并在其代谢通路上发现 2 个上调表达的差异蛋白 M02PK2 和 M1A0Y3, 三者均与细胞代谢调控密切相关。

**关键词** 马铃薯; 疮痂病; 蛋白质组学; 差异蛋白

马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 属茄科一年生草本块茎植物<sup>[1]</sup>, 别名洋芋、土豆和山药蛋等<sup>[2]</sup>。当前马铃薯是继水稻和小麦之后的世界第三大粮食作物<sup>[3]</sup>, 在全球粮食安全方面起到了重要的保障作用。2015 年以来, 伴随着马铃薯主粮化战略计划的不断推进与落实, 我国马铃薯种植面积也相应地有所增长。马铃薯疮痂病 (potato common scab, PCS) 是马铃薯第四大病害<sup>[4]</sup>, 以土传为主, 种薯带病的情况也时常发生<sup>[5]</sup>。感染疮痂病之后, 马铃薯表皮会出现凹陷状或凸起状病斑, 外观表型变差, 表面变得粗糙, 品质显著降低, 失去商品性和市场价值, 对马铃薯产业极具破坏性<sup>[6]</sup>。

1891 年 Thaxter 首次发表了有关马铃薯疮痂病的报道<sup>[1]</sup>, 经研究发现疮痂链霉菌是引发马铃薯疮痂病的主要病因, 并首次从疮痂病菌病薯上提取致病菌株 *Oospora scabies*。在随后的一段时间里, 关于疮痂病的相关研究工作持续深入推进, 其他致病菌株也陆续被报道。据 Loria 等<sup>[7]</sup>统计, 在中国、南非、俄罗斯、印度和美国等多个国家和地区均有疮痂病的相关报道。现阶段已鉴定出约 700 多个链霉菌的种和亚种<sup>[8]</sup>。通常情况下致病菌株 *Streptomyces scabies* 会进入植物体的组织, 皮孔、伤口和幼嫩的块茎都是致病菌株感染的渠道, 产生致病毒素环二肽 (thaxtomins), 这是引发疮痂病的

主要原因。该病的症状包括块茎表面结痂状、隆起或凹陷性病变等。疮痂病的发生致使马铃薯表型变差, 严重影响商品薯的质量, 极不耐储藏, 市场价值明显降低, 给农户造成巨大的经济损失<sup>[9]</sup>。马铃薯疮痂病的情况愈发严峻, 相关研究更侧重于病原拮抗菌的筛选<sup>[10]</sup>以及借助栽培模式减轻疮痂病的危害<sup>[11]</sup>, 针对挖掘作物自身抗性基因的研究相对较少。郝辽洋<sup>[12]</sup>鉴定到 132 个显著性表达的差异蛋白。刘璐<sup>[13]</sup>研究发现, *StTXR1* 和 *StCSN5* 可作为靶标基因用于马铃薯抗疮痂病的分子育种, 具有良好的应用前景。

串联质量标签 (tandem mass tag, TMT) 是一种用同位素标签同时分析多个样品中蛋白质类型和数量的技术, 属于高通量和系统的蛋白组学方法, 用于研究不同条件下特定生物体、组织和细胞中蛋白组成的类型和数量<sup>[14]</sup>。过去几年, 蛋白组学已被广泛应用于各种作物, 例如利用 TMT 技术对罗布麻<sup>[15]</sup>胁迫下的蛋白质组学进行分析, 对甘蓝型油菜花蕾发育<sup>[16]</sup>和低硼胁迫<sup>[17]</sup>下的根系蛋白质组学进行研究等。通过蛋白质组学对马铃薯的疮痂病致病毒素应答反应进行研究, 可提供对疮痂病毒素应答相关的蛋白功能分析, 而有关此方面的研究目前鲜有报道。因此, 本研究以 TMT 技术为基础, 对马铃薯应答疮痂病致病毒素的差异蛋白进行研

作者简介: 庞泽, 主要从事马铃薯遗传育种研究, E-mail: 1925675258@qq.com

王立春为通信作者, 主要从事马铃薯遗传育种研究, E-mail: wanglichun78@168.com

基金项目: 黑龙江省农业科技创新跨越工程农业科技基础创新优青项目 (CX22YQ30, CX23YQ12); 国家马铃薯产业技术体系齐齐哈尔综合试验站 (CARS-09-ES37); 黑龙江省农业科技创新跨越工程项目 (CX23GG02)

收稿日期: 2024-12-04; 修回日期: 2025-03-24; 网络出版日期: 2025-06-03

究，以鉴定影响抗病过程的关键蛋白质。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料为克新 19 号 (KX19)，2023 年经马铃薯茎尖脱毒技术获得脱毒苗，疮痂病原菌由黑龙江省农业科学院克山分院马铃薯育种研究所前期在克山地区取样分离获得。

### 1.2 试验方法

1.2.1 病毒接种 2024 年 5 月于黑龙江省农业科学院克山分院 (48°4' N, 125°52' E) 试验基地温室种植克新 19 号脱毒苗。提取马铃薯疮痂病致病毒素 Thaxtomin A (TA)，用无菌蒸馏水配制 100  $\mu\text{mol/L}$  的 TA 溶液，按比例加入吐温 20 (0.05 v/v) 配制混合溶液，将混合溶液以小喷雾的形式均匀喷洒于温室中生长了 30 d 的马铃薯叶片，溶液喷洒量以叶面完全浸湿为标准，为避免叶面所喷的液体蒸发，用保鲜膜包住处理后的叶片 24 h。试验设置 3 次重复 (KX19) 和 3 次对照处理 (CK)，对照处理由蒸馏水与吐温 20 (0.05 v/v) 按比例配制的混合溶液组成。

1.2.2 蛋白质的提取、定量、酶解和肽段标记 采取酚抽法提取植物总蛋白，采用 BCA (bicinchoninic acid assay) 法测定蛋白浓度。依据测定所得的蛋白浓度，为每个样品选取适量的蛋白，再使用裂解液对不同组别的样品进行稀释，将其调整至相同的浓度与体积。在以上蛋白溶液中加入 5 mmol/L DTT，混匀，55  $^{\circ}\text{C}$  孵育 30 min，在冰上进行冷却至室温。加入 10 mmol/L 碘乙酰胺，充分混匀，室温避光放置 15 min。在以上溶液中加入 6 倍体积的丙酮沉淀蛋白，-20  $^{\circ}\text{C}$  放置 4 h 以上或者过夜。于 4  $^{\circ}\text{C}$ 、8000 g 离心 10 min 收集沉淀，挥发丙酮 2~3 min。加入 100 mmol/L 三乙基碳酸氢铵缓冲液 (TEAB) 复溶沉淀，加入 1/50 样品质量的 1 mg/mL 胰酶 Trypsin-TPCK，并于 37  $^{\circ}\text{C}$  消化过夜。酶解后的样品冻干后于 -80  $^{\circ}\text{C}$  保存。向冻干样品中加入 100 mmol/L TEAB 缓冲液，振荡混匀，于 1.5 mL Ep 管中进行标记反应。从冰箱中取出 TMT 试剂，平衡到室温，加入无水乙腈复溶并离心。取 TMT 试剂加到样品中，充分混匀，室温放置 1 h。加入 5% 羟胺终止反应，冻干后于 -80  $^{\circ}\text{C}$  保存。

1.2.3 肽分离 液相色谱：Agilent 1100 HPLC；色谱柱：Agilent Zorbax Extend-C18 窄径柱 (2.1 mm $\times$

150 mm，粒径 5  $\mu\text{m}$ )；检测波长：紫外 210 nm。流动相 A 相：ACN-H<sub>2</sub>O (2:98, v/v)，用氨水将 pH 调至 10；流动相 B 相：ACN-H<sub>2</sub>O (90:10, v/v)，用氨水将 pH 调至 10。流速：300  $\mu\text{L}/\text{min}$ ；梯度洗脱条件：0.00~8.00 min, 98% A；8.00~8.01 min, 98%~95% A；8.01~30.00 min, 95%~80% A；30.00~43.00 min, 80%~65% A；43.00~53.00 min, 65%~55% A；53.00~53.01 min, 55%~10% A；53.01~63.00 min, 10% A；63.00~63.01 min, 10%~98% A；63.01~68.00 min, 98% A。收集 8.00~54.00 min 的样品，依次每隔 1 min 收集洗脱液到 1~15 号离心管中，反复收样。收集好后挥发干燥，样品冷冻保存待上质谱。

1.2.4 LC-MS/MS 分析 色谱条件：样品以 300 nL/min 的流速上样到分析柱 Acclaim PepMap RSLC, 75  $\mu\text{m}\times 50$  cm (RP-C18, 美国 Thermo Fisher) 分离。流动相 A 相：0.1% FA 水溶液；流动相 B 相：0.1% FA 的 ACN。梯度洗脱条件：0~4 min, 0~6% B；4~45 min, 6%~19% B；45~50 min, 19%~24% B；50~53 min, 24%~35% B；53~56 min, 35%~95% B；56~60 min, 95% B；质谱条件：一级 MS 质量分辨率设为 60 000，自动增益控制值设为  $1\times 10^6$ ，最大注射时间为 50 ms；质谱扫描设定为全扫描荷质比 m/z 范围 380~1800，并对其中 10 个最高峰进行 MS/MS 扫描；所有 MS/MS 图谱采集使用数据依赖型的正离子模式下的高能碰撞裂解完成，碰撞能量设为 32 eV；MS/MS 的分辨率设为 30 000，自动增益控制设为  $2\times 10^5$ ，离子最大注射时间为 110 ms；动态排除时间设为 40 s。

### 1.3 数据处理

采用 ProteomeDiscoverer 2.4.1.15 数据分析软件处理数据，使用 Excel 2019、Toolbox for Biologists 2.12 和 GraphPad Prism 9 软件绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 蛋白浓度测定

以 OD<sub>562</sub> 值为横坐标，标准蛋白浓度为纵坐标建立标准曲线 (图 1)。将测试样品稀释 10 倍进行吸光度的测定，计算其平均 OD<sub>562</sub> 值，代入回归方程  $y=0.849x-0.00869$ ，最后计算出待测样品的测得浓度 (表 1)。利用 12% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测，结果 (图 2) 显示提取的总蛋白质量较好，能够满足后续的酶解和 TMT 标记等试验。

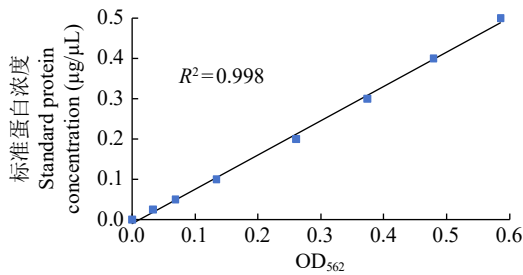


图 1 蛋白标准曲线  
Fig.1 Protein standard curve

表 1 不同处理组样品蛋白浓度测定

Table 1 Determination of protein concentration in samples from different treatment groups

处理 Treatment	吸光度 1 Absorbance 1	吸光度 2 Absorbance 2	吸光度 3 Absorbance 3	平均吸光度 Average absorbance	测量蛋白浓度 Measured protein concentration (mg/mL)	真实蛋白浓度 True protein concentration (mg/mL)
KX19-1	0.258	0.241	0.245	0.248	0.202	2.02
KX19-2	0.314	0.322	0.311	0.316	0.259	2.59
KX19-3	0.271	0.282	0.263	0.272	0.222	2.22
CK-1	0.289	0.288	0.313	0.297	0.243	2.43
CK-2	0.270	0.273	0.264	0.269	0.220	2.20
CK-3	0.261	0.266	0.275	0.267	0.218	2.18

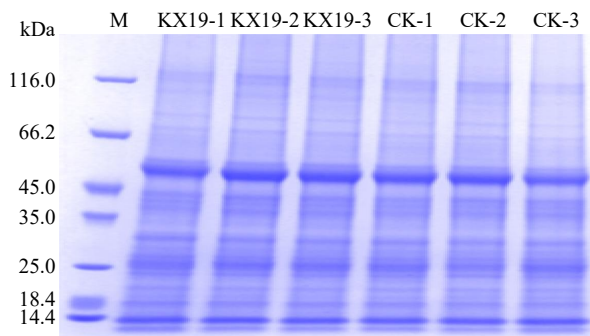


图 2 不同处理组样品总蛋白 PAGE 电泳检测  
Fig.2 PAGE analysis of total protein in samples from different treatment groups

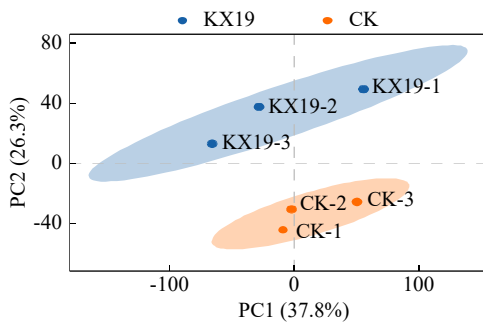


图 3 可信蛋白表达量主成分分析  
Fig.3 Principal component analysis of trusted protein expression level

2.3 差异蛋白筛选

蛋白组数据经 log 转化后，使用 Fold change (FC,  $\log_2FC = \text{试验组均值} - \text{对照组均值}$ ) 和经 *t*-test 检验得到的 *P* 值共同评估组间的蛋白表达差异性。

2.2 可信蛋白分析及数据质控

筛选 Score Sequest HT > 0、unique peptide ≥ 1、表达值不含空值的蛋白为可信蛋白，对可信蛋白进行中位数标准化及  $\log_2$  对数转换获得可信蛋白。利用可信蛋白的表达量进行主成分分析。如图 3 所示，试验组与对照组的组内生物学重复样本聚集良好，表明组内重复性较高；同时，2 组样本在主成分维度上明显分离，显示出明显的组间差异。

差异筛选条件为  $P < 0.05$ 、 $FC \geq 1.5$  或  $FC \leq 1/1.5$ 。如图 4 和图 5 所示，共鉴定出 130 个差异蛋白，其中 80 个表达上调蛋白，50 个表达下调蛋白。对这 130 个差异表达蛋白进行热图聚类分析（图 6），红色表示蛋白质在样品中的表达水平较高，蓝色表

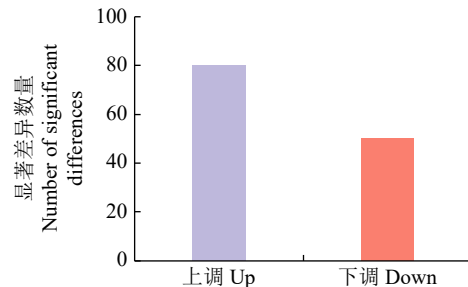


图 4 差异蛋白统计图  
Fig.4 Statistical chart of differential proteins

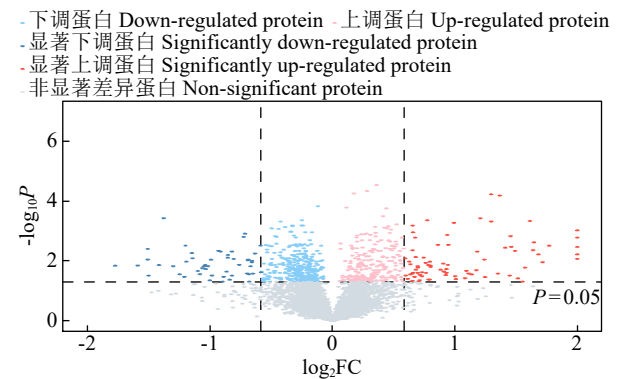


图 5 差异蛋白火山图  
Fig.5 Differential protein volcano diagram

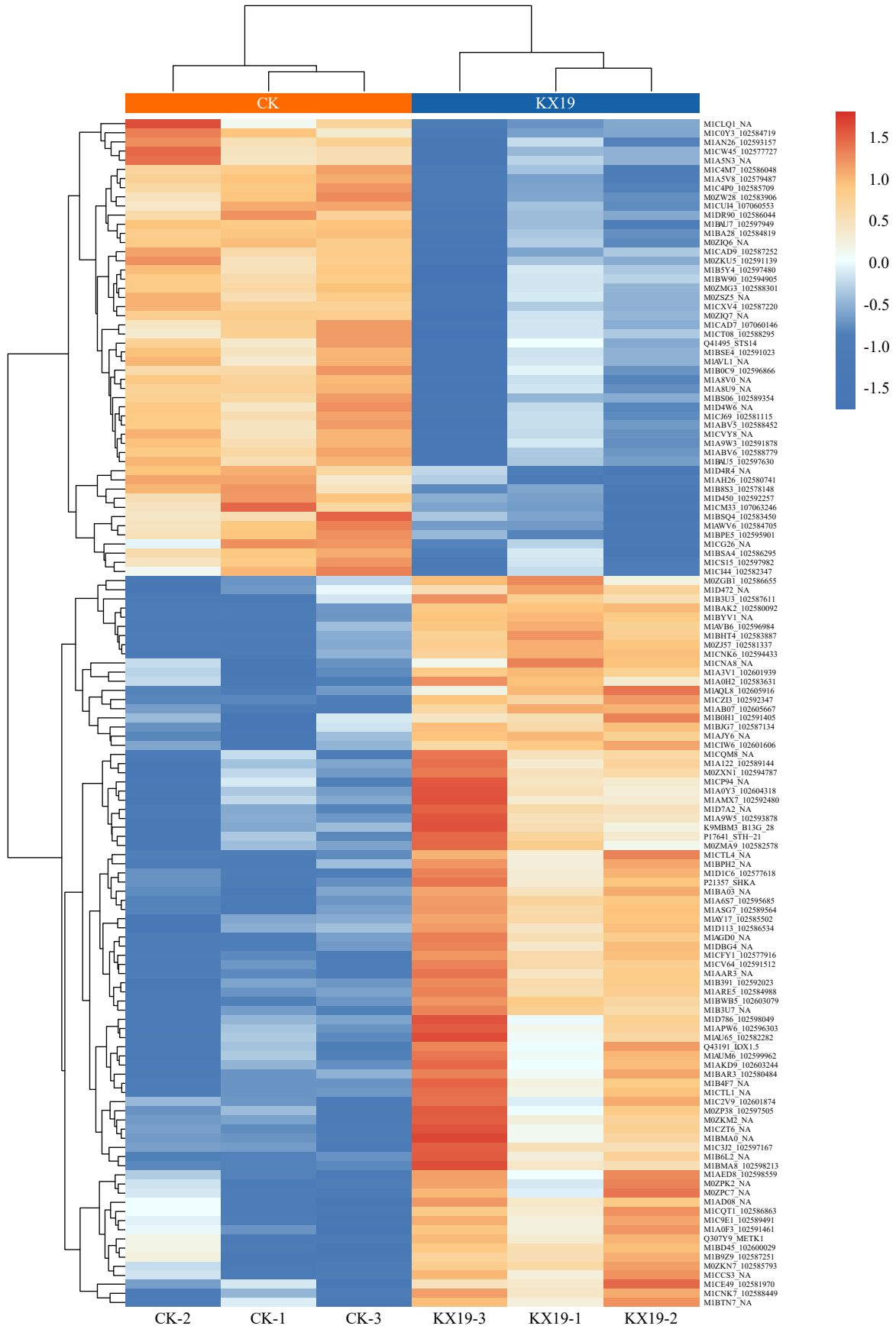


图 6 差异蛋白相对表达矩阵热图  
Fig.6 Heatmap of relative expression matrix of differential proteins

示表达水平较低。这些蛋白质丰度的差异表明马铃薯对疮痂病致病毒素 TA 的响应具有复杂的生物学调控。

### 2.4 差异蛋白功能分析

#### 2.4.1 差异蛋白 GO 富集分析 从生物过程、细胞

组分和分子功能方面进行差异蛋白的 GO 富集分析。筛选 3 种 Ontology 中 ListHits>1、P 值最小的通路进行排名前 30 的二级分类分析。图 7a 为表达下调差异蛋白 GO 通路图，在生物过程方面主要集中在防御反应上，在细胞组分方面主要集中在核小

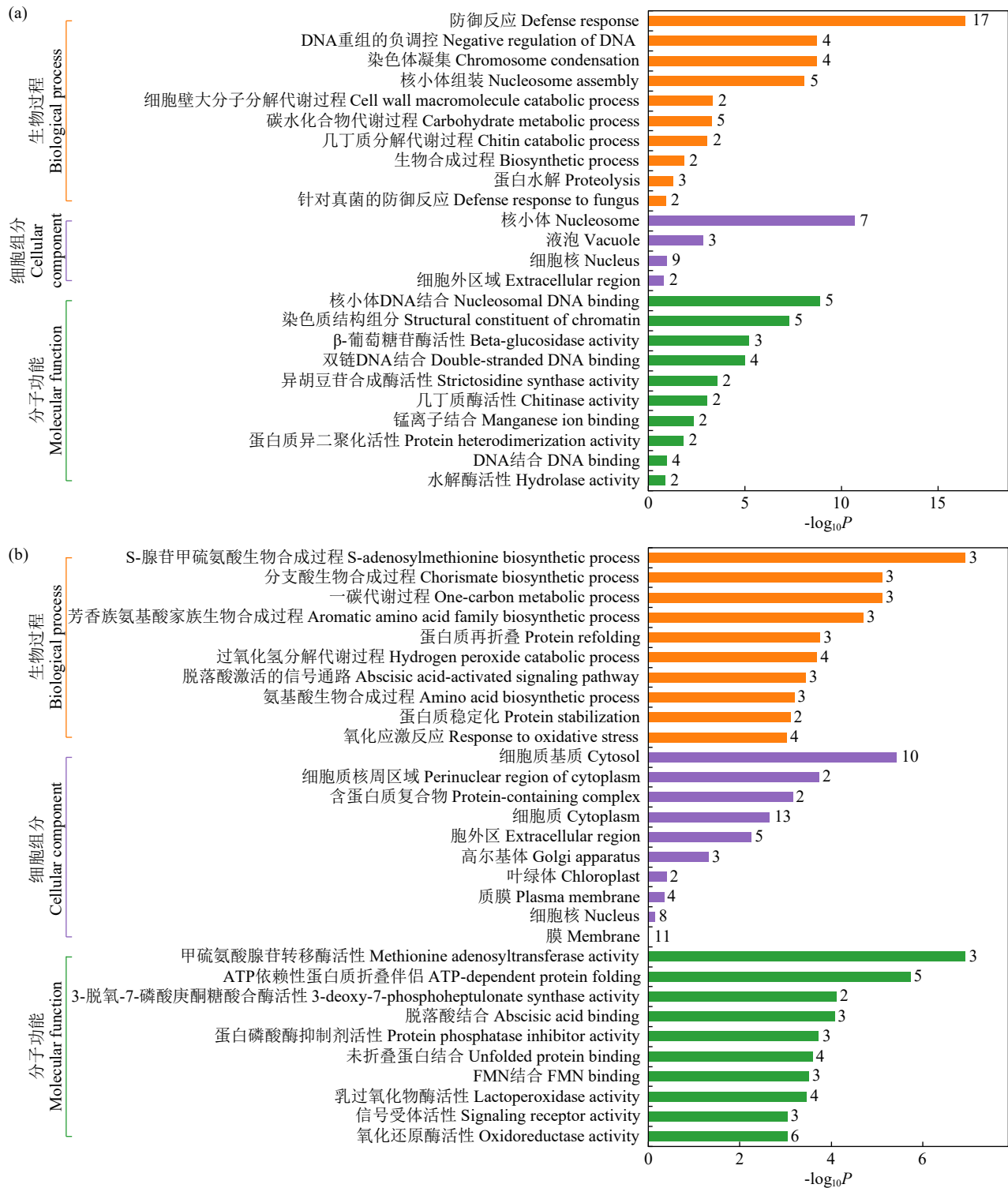


图 7 差异蛋白 GO 富集分析  
Fig.7 Differential protein GO enrichment analysis

体上，在分子功能上主要集中在核小体 DNA 结合和染色质结构组份上。图 7b 为表达上调差异蛋白 GO 通路图，在生物过程方面主要集中在 S-腺苷甲硫氨酸生物合成过程上，在细胞组份方面主要集中在细胞质，在分子功能上主要集中在甲硫氨酸腺苷转移酶活性和 ATP 依赖性蛋白折叠分子伴侣上。从总体上看，这些差异蛋白质具有多种分子功能，并参与了多种生物过程，马铃薯对疮痂病致病毒素 TA

的响应是一个复杂的生理生化过程。

2.4.2 差异蛋白 KEGG 富集分析 KEGG 富集可以分析确定蛋白质参与的最主要生化代谢途径和信号转导途径。筛选 *P* 值最小的通路进行分析。图 8a 为表达下调 KEGG 通路图，差异蛋白质显著富集的前 2 条代谢通路分别为氨基糖和核苷酸糖代谢及植物 MAPK 信号通路。图 8b 为表达上调 KEGG 通路图，差异蛋白质显著富集的前 2 条代谢通路分

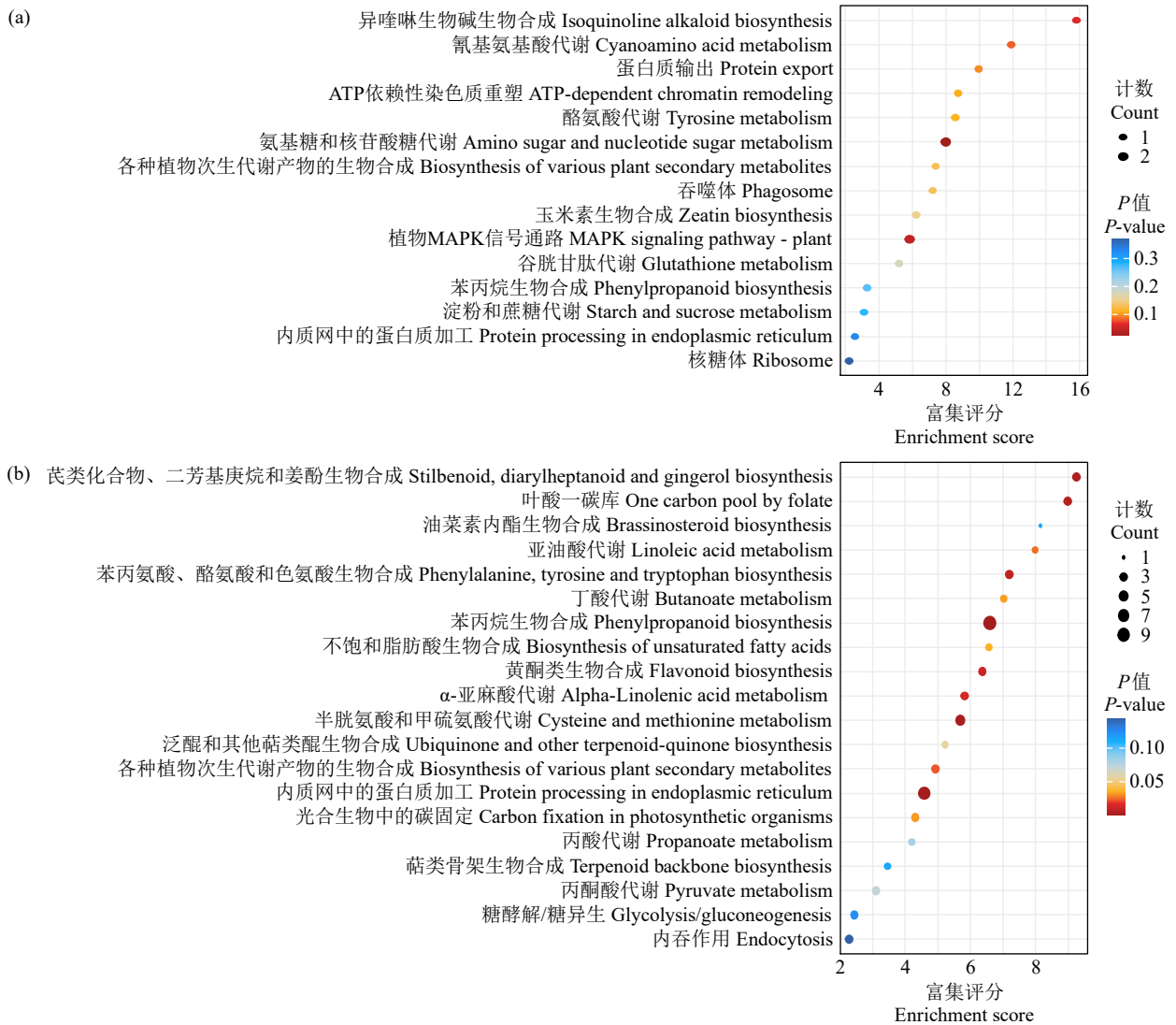


图 8 差异蛋白 KEGG 富集分析  
 Fig.8 Differential protein KEGG enrichment analysis

别为苯丙烷生物合成和内质网中的蛋白质加工。

## 2.5 核心差异蛋白筛选

2.5.1 差异蛋白互作网络分析 通过 STRING 数据库 (<https://string-db.org/>) 获取有关蛋白质间的相互作用关系和蛋白序列，从而对目标蛋白相互作用进行预测分析。本研究选取连接度排名前 25

的蛋白，重新计算这些蛋白的连接度并绘制网络图。如图 9 所示，综合差异蛋白的 GO 和 KEGG 富集分析结果可以看出，以 M1BPH2 为首的高表达蛋白显著高于 CK，以 M1A8U9 为首的低表达蛋白显著低于 CK，蛋白 M1ASG7:102589564 的连接度最高，为 19，说明该蛋白与其他蛋白作用关

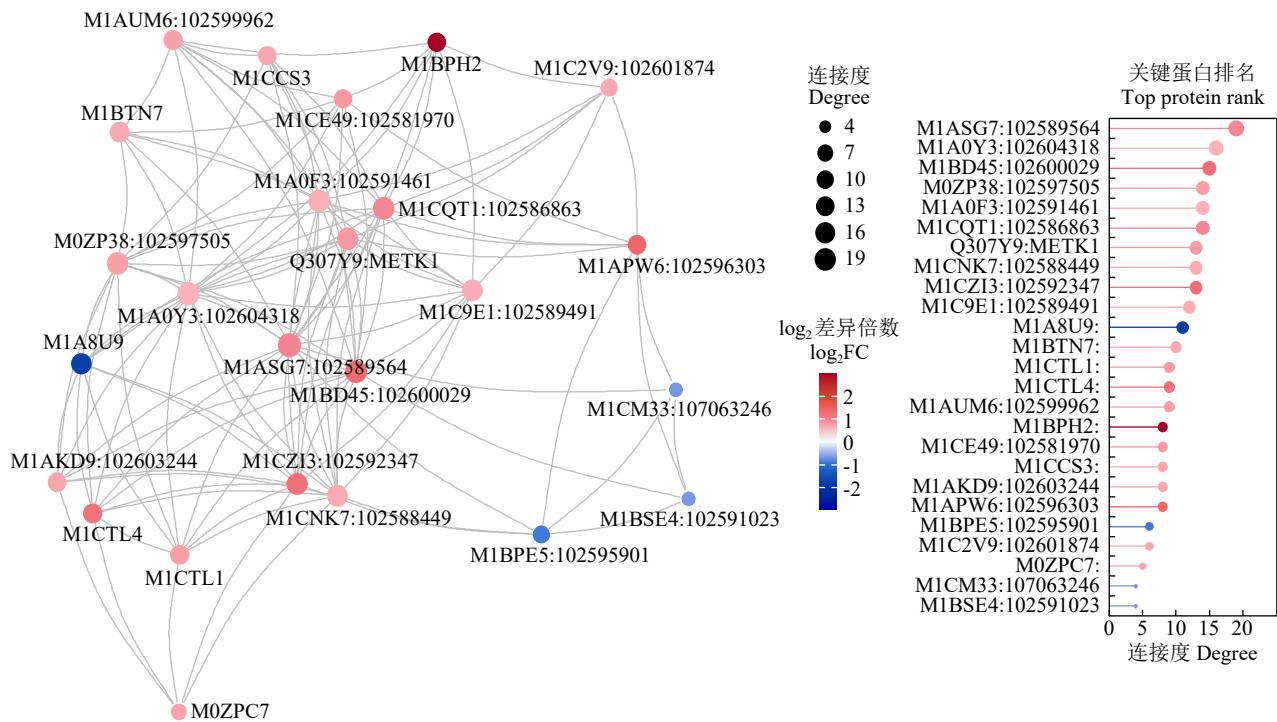


图 9 差异蛋白互作网络图

Fig.9 Differential protein interaction network diagram

系密切。

**2.5.2 KEGG 网络通路分析** M1ASG7:102589564 为甘油醛-3-磷酸脱氢酶,以其作为核心蛋白进行研究。发现该蛋白是所有原核和真核生物中糖分解和糖异生过程中的关键酶,在细胞内高丰度表达,起催化该途径中的氧化作用和对 D-甘油醛-3-磷酸的磷酸化作用<sup>[18]</sup>。研究<sup>[19]</sup>表明该蛋白在氧化胁迫下可以参与多种独立于糖分解和糖异生过程之外的生理生化途径,这对植物进化是有益的,说明植物在逆境胁迫下拥有一套完整的保护机制以抵御不良环境。对其进行 KEGG 网络通路分析(图 10)可以发现, M1ASG7 (1.2.1.12) 在处理中表达上调; M02PK2 (4.1.1.49) 和 M1A0Y3 (1.1.1.27) 在 M1ASG7 代谢通路中表达上调,蛋白功能分别为磷酸烯醇式丙酮酸羧激酶和 L-乳酸脱氢酶。

### 3 讨论

#### 3.1 多种生理生化过程参与调控

本研究通过对马铃薯克新 19 号进行疮痂病毒素处理,进行差异蛋白筛选。通过差异蛋白筛选共得到 130 个差异蛋白,其中表达上调蛋白 80 个,表达下调蛋白 50 个,这些蛋白的表达丰度具有较大差异,表明马铃薯对疮痂病致病毒素 TA 的响应具有复杂的生物学调控。通过 GO 富集分析发现,

在生物过程上,差异蛋白主要集中在防御反应和 S-腺苷甲硫氨酸生物合成过程,表明植物对处理产生了响应,自身可能产生了甲基化反应来抵抗致病毒素;在细胞组份上主要集中在核小体和细胞质基质上;在分子功能上主要集中在核小体 DNA 结合、染色体结构组成、甲硫氨酸腺苷转移酶活性和 ATP 依赖性蛋白折叠分子伴侣上,进一步证明了植物接受处理后产生了甲基化反应,表明马铃薯对疮痂病致病毒素 TA 的响应由多种生理生化过程参与调控。通过 KEGG 富集分析发现,差异蛋白质参与了多种生化代谢途径和信号转导途径,主要为氨基糖和核苷酸糖代谢、植物 MAPK 信号通路、苯丙素的生物合成和内质网中的蛋白质加工等途径,其中部分途径与氧化还原有关。植物的 MAPK 信号通路是细胞增殖、分化、细胞凋亡以及正常条件和病理条件下应激反应的关键信号通路,表明该通路可能在作物抗疮痂病的调控过程中发挥重要的作用,同样证明了马铃薯对疮痂病致病毒素 TA 的响应是一个复杂的生理生化过程。

#### 3.2 关键蛋白筛选

通过总结发现 M1ASG7 (甘油醛-3-磷酸脱氢酶)是糖酵解反应中的 1 个酶,广泛分布于各种组织中的细胞,可作为关键蛋白进行进一步研究。

在其代谢通路上还发现 2 个表达上调的差异蛋

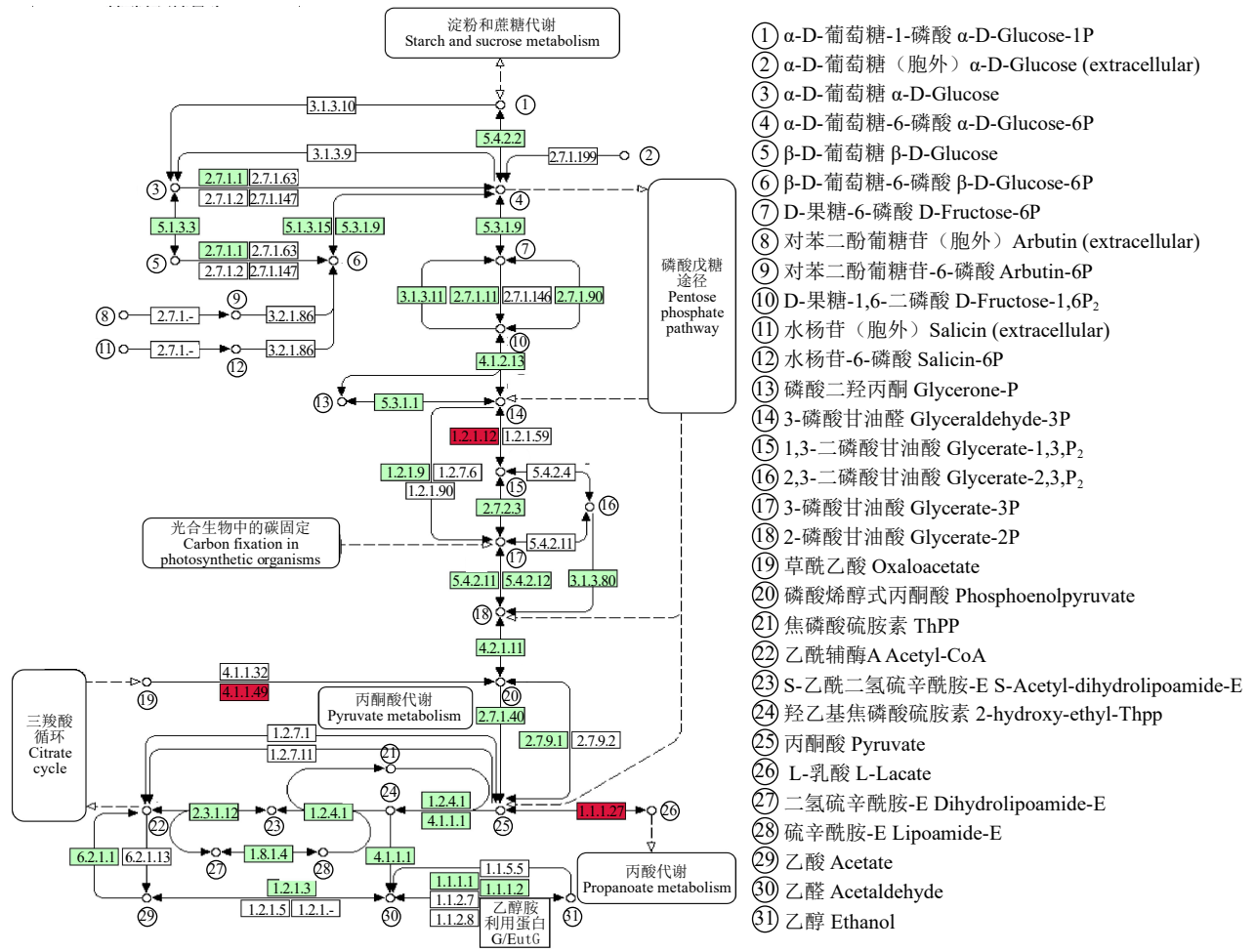


图 10 KEGG 网络通路分析 Fig.10 KEGG network pathway analysis

白，分别为 M02PK2（磷酸烯醇式丙酮酸羧激酶）和 M1A0Y3（L-乳酸脱氢酶）。M02PK2 是裂合酶家族中的一种酶（PEPCK），参与 4 种代谢过程：糖异生、甘油异生、丝氨酸合成和氨基酸碳骨架的转化。PEPCK 有 2 种亚型：PEPCK1（PEPCK-C）和 PEPCK2（PEPCK-M）。乳酸脱氢酶（LDH）是一种细胞质酶，属于氧化还原酶家族，在厌氧代谢途径中起关键作用。它在细胞内催化乳酸转化丙酮酸、NAD<sup>+</sup>转化 NADH，反之亦然。经分析发现，3 种酶在同一代谢通路上，且均表达上调。疮痂病本质为细胞的特殊变化，因此 M1ASG7、M02PK2 和 M1A0Y3 具有重要的研究意义。

### 4 结论

从蛋白质组学角度对马铃薯响应疮痂病毒素进行研究，发现关键差异蛋白 M1ASG7，并在其通路中发现 M02PK2 和 M1A0Y3，为今后马铃薯疮痂病方面研究提供重要信息。

### 参考文献

- [1] United States. Experiment station record. Washington: Government Printing Office, 1892.
- [2] 余昌清, 曾宪玉, 杨邦贵, 等. 宜都市费乌瑞它马铃薯高产栽培技术. 长江蔬菜, 2021(17): 5-6.
- [3] 石瑛. 优化产业价值链推动“龙江薯”高质量发展. 奋斗, 2022(1): 44-46.
- [4] 康蓉. 甘肃马铃薯疮痂病原鉴定及药剂防治. 兰州: 甘肃农业大学, 2013.
- [5] Fry B A, Loria R. Thaxtomin a: evidence for a plant cell wall target. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 2002, 60(1): 1-8.
- [6] 朱展鹏, 蒋建霞, 傅欣雨, 等. 马铃薯疮痂病抗病资源鉴定和药剂筛选. 中国马铃薯, 2021, 35(2): 170-175.
- [7] Loria R, Bukhalid R A, Fry B A, et al. Plant pathogenicity in the genus streptomyces. *Plant Disease*, 1997, 81(8): 836-846.
- [8] 夏善勇, 盛万民. 我国马铃薯疮痂病及其防治研究进展. 植物保护, 2022, 48(1): 7-16, 28.
- [9] Mar A S, Ruben F, Gabriel H R G, et al. Characterization, pathogenicity and chemical control of streptomyces acidiscabies associated to potato common scab. *American Journal of Potato Research*, 2017, 94(1): 14-25.
- [10] Cao J J, Ma Y, Fu J, et al. *Bacillus atropheus* DX-9 biocontrol against potato common scab involves significant changes in the soil microbiome and metabolome. *ABIOTECH*, 2025, 6(1):

- 33-49.
- [11] Wang L C, Liu S, Tian G K, et al. Impacts of continuous potato cropping on soil microbial assembly processes and spread of potato common scab. *Applied Soil Ecology*, 2025, 206: 105805.
- [12] 郝辽洋. 马铃薯应答疮痂病致病毒素 Thaxtomin A 的分子机理初探. 银川: 宁夏大学, 2019.
- [13] 刘璐. StTXR1 在马铃薯应答疮痂链霉菌致病毒素 Thaxtomin A 中的作用及应用. 北京: 中国科学院大学, 2021.
- [14] Long J A. The 'omics' revolution: use of genomic, transcriptomic, proteomic and metabolomic tools to predict male reproductive traits that impact fertility in livestock and poultry. *Animal Reproduction Science*, 2020, 220: 106354.
- [15] 甄熙, 刘旭洋, 张晓明, 等. 盐胁迫下基于 TMT 技术的罗布麻蛋白质组学分析. *西北植物学报*, 2024, 44(2): 205-218.
- [16] 吕恬, 岳伟莹, 蔡萌萌, 等. 甘蓝型油菜花蕾发育的比较蛋白质组学研究. *植物科学学报*, 2024, 42(2): 201-210.
- [17] 王志方. 甘蓝型油菜低硼胁迫下的根系蛋白质组学研究. 武汉: 华中农业大学, 2010.
- [18] Danshina P V, Schmalhausen E V, Avetisyan A V, et al. Mildly oxidized glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase as a possible regulator of glycolysis. *IUBMB Life*, 2001, 51(5): 309-314.
- [19] 梁颖, 李玉花. 植物中磷酸甘油醛-3-磷酸脱氢酶 (GAPDH) 在氧化胁迫下的生理功能. *植物生理学通讯*, 2009, 45(10): 1027-1032.

## Differential Proteomic Analysis of Potato in Response to the Pathotoxin of Common Scab

Pang Ze, Tian Guokui, Wang Haiyan, Li Fengyun, Pan Yang, Li Mingxue, Wang Lichun

(Keshan Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Potato Biology and Genetic Breeding of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Heilongjiang Potato Germplasm Resources and Genetic Improvement Engineering Technology Center, Qiqihar 161000, Heilongjiang, China)

**Abstract** To elucidate the proteomic response mechanism of potato to a pathogenic toxin Thaxtomin A (TA), causing common scab, this study was conducted using the potato cultivar Kexin 19 as the experimental material. Tandem Mass Tag (TMT)-based quantitative proteomics technology was employed to analyze the differential proteomes of potato leaves treated with the toxin and a control group. A total of 130 differentially expressed proteins (DEPs) were identified, including 80 up-regulated and 50 down-regulated. GO and KEGG enrichment analysis showed that the DEPs were significantly enriched in biological processes such as defense response, plant MAPK signaling pathway, S-adenosylmethionine biosynthesis, and protein processing in the endoplasmic reticulum. This reveals that the response of potato to the scab toxin involves a complex physiological and biochemical regulatory network. Through protein-protein interaction network analysis, the core protein M1ASG7 with the highest connectivity was screened out. Additionally, two up-regulated DEPs, M02PK2 and M1A0Y3, were found in its metabolic pathway, all of which are closely related to the regulation of cellular metabolism.

**Key words** Potato; Scab disease; Proteomics; Differential protein