植物学报 *Chinese Bulletin of Botany* 2027, **62** (3): 1–15, www.sciengine.com/CBB/home
URL: https://doi.org/10.3724/CBB-2026-0048

·研究论文·

# 甘蓝型油菜*BnaAOS*的鉴定及其对核盘菌抗性的调控作用

农杰英[1], 覃磊[2, 3], 刘爱云[1], 崔看[2, 4], 夏宇农[1], 李海鸥[1], 夏石头[1*]

[1]湖南农业大学, 生物科学技术学院, 植物激素与生长发育湖南省重点实验室, 长沙 410128; [2]岳麓山实验室, 湖南长沙 410128; [3]湖南省农业科学院作物研究所, 长沙410125; [4] 湖南省植物保护研究所, 长沙410125

**摘要** 核盘菌(*Sclerotinia sclerotiorum*)是严重危害油菜生产的真菌病原菌之一, 丙二烯氧化物合酶(allene oxide synthase, AOS)作为茉莉酸(Jasmonic acid, JA)生物合成途径中的关键酶, 其在油菜中的具体功能仍不清楚。本研究系统鉴定与分析了甘蓝型油菜(*Brassica napus*) *BnaAOS*基因, 结果显示, 油菜基因组中存在两个*AOS*同源基因, 其编码蛋白在结构特征和进化关系上高度保守, 并均定位于叶绿体; 核盘菌侵染可显著诱导甘蓝型油菜*BnaAOS*以及拟南芥(*Arabidopsis thaliana*) *AtAOS*表达; 拟南芥*aos*突变体对核盘菌侵染更敏感, 而*AtAOS*超表达株系对核盘菌抗性则显著增强; 且甘蓝型油菜*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*均能回复*aos*的野生型表型, 表明甘蓝型油菜*BnaAOS*在调控核盘菌抗性中具有*AtAOS*等效功能。

**关键词** 甘蓝型油菜, 核盘菌, 茉莉酸, AOS, 抗病性

**农杰英, 覃磊, 刘爱云, 崔看, 夏宇农, 李海鸥, 夏石头** (2026). 甘蓝型油菜*BnaAOS*的鉴定及其对核盘菌抗性的调控作用. 植物学报 **62**, 1–15.

油菜是我国重要的油料作物之一, 在食用油供给和农业经济中具有重要地位(刘煜妍, 2024)。然而, 由核盘菌(*Sclerotinia sclerotiorum*)引起的菌核病是油菜生产中危害最为严重的病害之一, 该病原菌寄主范围广、侵染能力强, 在适宜环境条件下可造成油菜大面积减产(李宇婕等, 2023; 缪平贵等, 2025; 王伟, 2024)。由于核盘菌具有较强的环境适应能力和侵染策略, 化学防治效果受限且存在环境风险, 因此挖掘和解析油菜自身的抗病调控机制、培育抗病品种被认为是防控菌核病的有效途径(吴健, 2015; 殷生亮, 2021)。然而, 目前尚未发现对核盘菌具有显著抗性的主效基因, 油菜对核盘菌的抗性多表现为数量抗性, 其分子调控机制仍有待深入研究(Wu et al., 2013; Zhao and Meng, 2003; Zhao et al., 2006; 吴健等, 2018; 张卡等, 2023)。

已有研究表明, 植物对核盘菌的防御反应主要依赖于模式触发免疫(pattern-triggered immunity, PTI)(Kou and Wang, 2010; Lai and Mengiste, 2013; McCombe et al., 2022; Poland et al., 2009)。在PTI过程中, 植物通过识别病原相关分子模式, 迅速诱导活性氧(reactive oxygen species, ROS)爆发、防御相关基因表达以及激素信号通路的重塑(Nabi et al., 2024)。作为调控植物防御反应的重要内源信号分子, 茉莉酸(jasmonic acid, JA)在植物应对死体营养型病原菌侵染中发挥关键作用(Macioszek et al., 2023)。多项研究表明, JA信号途径的激活有助于增强植物对核盘菌等病原的抗性, 而JA生物合成及其调控过程被认为是植物免疫网络的重要组成部分(Wang et al., 2014; Wu et al., 2016)。

作为JA生物合成途径中的关键限速酶, 丙二烯氧化物合酶(allene oxide synthase, AOS)在JA的积累及其介导的植物免疫反应中发挥核心调控作用(Koo and Howe, 2009; Wasternack and Hause, 2013; Wasternack and Strnad, 2018)。在番茄中, AOS催化步骤直接影响JA及其活性衍生物的含量水平, 从而决定植物对病原菌侵染的防御强度, 尤其在

收稿日期: 2026-03-04; 接受日期: 2026-05-06
基金项目: 国家自然科学基金(No.31971836)、岳麓山实验室现代种业重大项目(No.YLS-2025-ZY01008)和岳麓山实验室人才计划(2024RC2001)
* 通讯作者。E-mail: xstone0505@hunau.edu.cn

© 植物学报 Chinese Bulletin of Botany

应对死体营养型病原菌时具有重要意义(Zhang et al., 2020)。在多种作物中, 病原菌侵染可显著诱导*AOS*基因的表达, 并与JA水平的升高密切相关。例如, 在水稻中, 稻瘟病菌侵染显著诱导*OsAOS2*表达, 其超表达株系在侵染后JA含量明显升高, 并伴随*PR1*、*PR3*和*PR5* 等免疫相关基因的显著上调, 从而增强植株抗病性(Mei et al., 2006;韩同凯等, 2013)。与此类似, *AOS*诱导表达模式还在玉米(Zhang et al., 2015)、小麦(Ameye et al., 2015)和大豆(吴娟娟, 2008)、柑橘(张乐欢, 2022)等作物中被报道, 提示AOS介导的JA合成是作物免疫应答中的保守调控模块。在马铃薯中, 通过dsRNAi技术特异性沉默*AOS*基因后, 植株体内JA合成水平显著降低, 其对晚疫病菌的抗性明显减弱(Pajerowska-Mukhtar et al., 2008)。除调控JA合成外, AOS还可能通过影响JA下游信号网络, 与水杨酸(salicylic acid, SA)和乙烯(ethylene, ET)等激素通路形成协同或拮抗调控关系, 从而精细调控植物在生长发育与免疫防御之间的平衡(Caarls et al., 2015; Wasternack and Song, 2017)。然而, 现有研究主要集中于模式植物和部分粮食作物, 在重要油料作物甘蓝型油菜(*Brassica. napus*)中, *AOS*基因鉴定、表达特性及其在核盘菌侵染过程中的功能研究仍相对有限, 尤其缺乏基于遗传学材料的直接功能证据。因此, 有必要对甘蓝型油菜*AOS*基因开展系统研究, 以阐明其在油菜抗核盘菌免疫调控中的作用。

基于此, 本研究以甘蓝型油菜*BnaAOS*为研究对象, 首先通过生物信息学手段对*BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*基因的序列特征及进化关系进行分析; 随后分别克隆*BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*并解析其亚细胞定位及在核盘菌侵染过程中的表达模式; 同时, 利用拟南芥*AtAOS*突变体和超表达材料, 评估*AtAOS*在核盘菌抗性中的功能; 进一步通过*BnaAOS*对拟南芥*aos*突变体的异源回补实验, 验证其功能保守性。本研究旨在为深入理解*BnaAOS*介导的油菜抗核盘菌免疫调控机制提供实验依据, 并为油菜抗病遗传改良提供理论参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试菌株与植物材料

#### 1.1.1 供试菌株

本研究选用核盘菌(*S. sclerotiorum*) 1980 野生型菌株作为供试菌株。菌株采用马铃薯葡萄糖琼脂培养基(potato dextrose agar, PDA)进行培养, 在20°C 恒温条件下传代保存。试验所用大肠杆菌菌株为*Escherichia coli* DH5α, 农杆菌菌株为*Agrobacterium tumefaciens* GV3101为本实验自有保存。

#### 1.1.2 供试植物

供试植物包括甘蓝型油菜(*Brassica napus*), 品种为湘油15、拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)野生型 Columbia-0(Col-0) 和拟南芥T-DNA插入突变体*aos*(Park et al., 2002)。所有植物材料均在人工气候室条件下培养, 培养条件为: 温度20°C, 光周期16 h光照/8 h黑暗, 相对湿度约65%。

### 1.2 *BnaAOS*基因的鉴定及序列与进化分析

在TAIR数据库中获取拟南芥*AtAOS* (*AT5G42650*)的核苷酸及蛋白序列信息, 并以其为查询序列, 在华中农业大学油菜信息资源数据库(https://yanglab.hzau.edu.cn/BnIR)中进行同源序列比对分析, 从甘蓝型油菜基因组中获得两个*BnaAOS*候选基因, 分别为*BnaA02g23180D*和*BnaC02g29610D*。对获得的*BnaAOS*候选基因进行编码区和蛋白序列分析, 并与*AtAOS*进行多序列比对。采用SMART (https://smart.embl.de/)在线工具预测*Bna*AOS 蛋白的保守结构域。进一步从NCBI数据库中获取其他植物中的AOS同源蛋白序列, 用于系统发育分析, 系统发育关系分析采用MEGA软件完成。

### 1.3 *BnaAOS*基因的克隆与载体构建

为获得用于亚细胞定位、超表达及异源回补分析的*BnaAOS*表达载体, 以甘蓝型油菜品种湘油15为材料提取总RNA, 并反转录合成cDNA。以cDNA为模板, 分别采用基因特异性引物扩增*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*的完整编码区。拟南芥*AtAOS*的编码区同样采用基因特异性引物从拟南芥野生型Col-0的cDNA中扩增。各基因扩增所用引物序列见**表1**。将上述目的扩增片段克隆至植物表达载体 pCAMBIA1301-35S-eGFP 中, 使目的基因与*eGFP*标签融合表达。该载体以CaMV 35S启动子驱动目的基因表达, 可用于亚细胞定位分析以及植物超表达株系、异

源表达功能回补株系构建等试验。

### 1.4 拟南芥遗传转化及转基因材料的获得

拟南芥遗传转化采用农杆菌介导的花器浸渍法(floral dip)进行。将构建好的重组表达载体转化至GV3101中，并按照已有文献报道的方法完成拟南芥转化过程(崔看, 2021)。成熟后收获种子，经潮霉素抗性筛选获得稳定遗传的转基因植株，用于后续的试验。

### 1.5 *Bna*AOS的亚细胞定位分析

为分析*Bna*AOS蛋白的亚细胞定位特征，选用异源表达*BnaA02.AOS*及*BnaC02.AOS*的拟南芥*aos*转基因回补材料进行观察。该转基因材料中，*BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*编码区与*eGFP*标签融合表达，并受CaMV 35S启动子驱动，因此可直接用于荧光信号检测。取转基因拟南芥叶片制片后，利用共聚焦激光扫描显微镜对eGFP荧光信号进行观察，同时采集叶绿体自发荧光信号。通过比较eGFP荧光与叶绿体自发荧光的空间分布情况，检测*Bna*A02.AOS、*Bna*C02.AOS蛋白的亚细胞定位。

### 1.6 核盘菌离体叶片侵染及病斑分析

不同拟南芥材料的核盘菌抗性鉴定采用离体叶片接种法进行(吴楠等, 2023)。选取培养约45 d、生长状态一致、无机械损伤的拟南芥叶片，置于铺有湿润吸水纸的培养皿中进行接种。取经PDA固体培养基活化培养1 d的核盘菌1980菌株菌块(2 mm)，接种于叶片中央位置，在20°C恒温条件下培养48 h后观察侵染表型并拍照记录。为进一步清晰显示病原菌侵染范围，对部分侵染后的叶片进行台盼蓝染色处理，染色方法参照已有文献报道，用于辅助展示侵染表型(吴楠等, 2023)。病斑面积采用ImageJ软件进行测量与统计分析，所有试验均设置9次生物学重复，数据以平均值±标准误表示，差异显著性分析采用单因素方差分析(one-way ANOVA)，显著性水平设定为$P<0.05$。

### 1.7 核盘菌活体侵染及样品取样

为分析*AOS*基因在核盘菌侵染植物过程中的表达变化，分别以拟南芥(Col-0)和甘蓝型油菜(湘油15)为材料进行核盘菌活体侵染处理。将生长于营养土中的Col-0植株及湘油15植株培养至适宜生长阶段(甘蓝型油菜培养约60 d、拟南芥约45 d)，选取生长状况一致且无机械损伤的叶片作为侵染对象。取在PDA固体培养基上活化培养两代并生长1 d的核盘菌1980菌块(甘蓝型油菜接种直径5 mm的菌块、拟南芥接种直径2 mm的菌块)，接种于叶片中央位置，接种后的植株置于含水托盘中并覆盖透明盖以保持高湿条件，在温室(20°C，光周期16 h光照/8 h 黑暗，相对湿度约65%)下培养0-48 h，而后分别在接种后 0、6、9、12、24和48 h 采集侵染后的叶片混合(约5-6株)样品，迅速液氮冷冻并用于后续 RNA 提取和cDNA合成。基因表达量采用qRT-PCR方法进行检测，其中拟南芥样品以内参基因*ACTIN1*进行归一化分析，甘蓝型油菜样品以内参基因*UBC9*进行归一化分析，所用引物序列见表**1**。所有实验均设置3次生物学重复，数据以平均值±标准误表示，差异显著性分析采用单因素方差分析(one-way ANOVA)，显著性水平设定为$P<0.05$。

## 2 结果与分析

### 2.1 甘蓝型油菜*BnaAOS*基因的鉴定及序列特征分析

以拟南芥*At*AOS (*AT5G42650*)蛋白序列为查询序列，对甘蓝型油菜基因组进行同源序列搜索。结果显示，在甘蓝型油菜基因组中共鉴定到两个与*At*AOS具有较高序列相似性的候选同源蛋白序列，基因编号分别为: *BnaA02g23180D*和*BnaC02g29610D*，分别位于A02和C02染色体上，其编码区长度均为1590 bp，预测编码蛋白长度为529 aa，与拟南芥*At*AOS (1557 bp, 518 aa)在长度和整体结构上高度相似(图1A)。多序列比对结果显示，这两个候选蛋白序列之间仅存在少量氨基酸差异，且关键功能区域高度一致(图1C)。进一步对其蛋白结构进行分析发现，两个候选蛋白均包含典型的Pfam p450 (CYP74)保守结构域(图1B)，该结构域是AOS蛋白行使催化功能的重要特征。基于其序列特征及保守结构域分析结果，确认这两个基因均为甘蓝型油菜*BnaAOS* 基因家族成员，分别命名为*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*。

为进一步分析AOS蛋白在不同植物物种间的进化保守性，对*Bna*A02.AOS、*Bna*C02.AOS与拟南芥*At*AOS及其他作物AOS同源蛋白进行了系统发育分

**表1** 本研究所用引物序列表

**Table 1** Primer sequence list used in this study

| Primer Name | Primer Sequence | Purpose |
|---|---|---|
| BnaA02g23180D-KK-F | ATCTGAGATAGACGGTAG | *BnaA02.AOS* Amplification: Cao-style PCR Primer Pair 1 |
| BnaA02g23180D-KK-R | CGGACACTGACCCTAGTTT | |
| BnaA02g23180D-F | ATGGCCTCTGCTTCACCTCA | *BnaA02.AOS* Amplification: Cao-style PCR Primer Pair 2 |
| BnaA02g23180D-R | CTAAAAGCTAGCCTTCCTCA | |
| BnaC02g23180D-FK | GGTGCTATACATACTTTGTCC | *BnaC02.AOS* Amplification: Cao-style PCR Primer Pair 1 |
| BnaC02g23180D-RK | GTATATTCACCTAATTGACC | |
| BnaC02g23180D-F | ATGGCCTCTCCTTCACCTCC | *BnaC02.AOS* Amplification: Cao-style PCR Primer Pair 2 |
| BnaC02g23180D-R | CTAAAAGCTAGCCTTCCTCA | |
| BnaAOS-RT-F2-A | CTATTTCTCTTCACGCTCG | *BnaAOS* Quantitative Fluorescence Primers |
| BnaAOS-RT-R2 | TCTCCACGGCTAGATCAG | |
| BnaAOS-RT-F2-C | CTATTTCTCTTCACGCTAC | |
| AtAOS-RT-F | TTACCAATCGTAGGACCA | *AtAOS* Quantitative Fluorescence Primers |
| AtAOS-RT-R | GAGATGACTTGAGGAGG | |
| ACTIN1-RT-F | CGATGAAGCTCAATCCAAACGA | *ACTIN1* Quantitative Fluorescence Primers |
| ACTIN1-RT-R | CAGAGTCGAGCACAATACCG | |
| UBC9-qF | gcatctgcctcgacatcttga | *UBC9* Quantitative Fluorescence Primers |
| UBC9-qR | gacagcagcaccttggaaatg | |
| BnaMYC2-RT-F | ACGATAACGCCTCTATGATGGA | *BnaMYC2* Quantitative Fluorescence Primers |
| BnaMYC2-RT-F | CACGCAACACCTTCTTACGATA | |
| AtMYC2-RT-F | ATTCTGGCAACCGTCGTATG | *AtMYC2* Quantitative Fluorescence Primers |
| AtMYC2-RT-F | GCGAACTCGATCTCCGTCTC | |
| AtPDF1.2-RT-F | AGTTTGCTTCCATCATCACCCT | *AtPDF1.2* Quantitative Fluorescence Primers |
| AtPDF1.2-RT-F | TGGCTTCTCGCACAACTTCT | |

析和保守基序(motif)比较。系统发育树结果显示，*Bna*A02.AOS和*Bna*C02.AOS与拟南芥、白菜和甘蓝等十字花科植物AOS聚为同一分支，且与单子叶植物水稻和禾本科植物AOS的亲缘关系相对较远(图1D)。基序分析结果进一步表明，各物种AOS蛋白整体基序排列模式高度相似，其中十字花科植物AOS在基序组成和排列顺序上具有更高的一致性(图1D)。这些结果表明，甘蓝型油菜*Bna*AOS蛋白在序列结构和进化关系上均具有较高的保守性。

## 2.2 甘蓝型油菜*BnaAOS*基因的克隆与序列验证

以甘蓝型油菜品种湘油15为材料，对前述鉴定得到的*BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*候选基因进行克隆。结果显示，分别从湘油15中成功扩增获得两条大小约为1590 bp的特异性条带，与预测的编码区长度一致(图2A)，表明相应基因的编码区已被成功克隆。对扩增产物进行测序分析，结果表明其序列与甘蓝型油菜基因组数据库中对应基因序列一致，未发现碱基缺失或突变，进一步验证了克隆获得的*BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*基因序列的准确性，为后续亚细胞定位及功能分析实验提供了可靠的遗传材料基础(图2B)。

## 2.3 *Bna*AOS的亚细胞定位及其在核盘菌侵染油菜过程中的表达模式分析

为明确*Bna*AOS的亚细胞定位特征，采用异源表达*Bna*A02.AOS-eGFP或*Bna*C02.AOS-eGFP融合蛋白的拟南芥*aos*回补转基因株系进行荧光观察。激光共聚焦显微镜观察结果显示，对照材料中35s-eGFP荧光信号可能定位于细胞核和细胞膜，而35s-*Bna*A02.AOS-eGFP和35s-*Bna*C02.AOS-eGFP的绿色荧光信号主要与叶绿体自发的红色荧光高度重叠(图3)，表明两个*Bna*AOS蛋白均定位于叶绿体中。

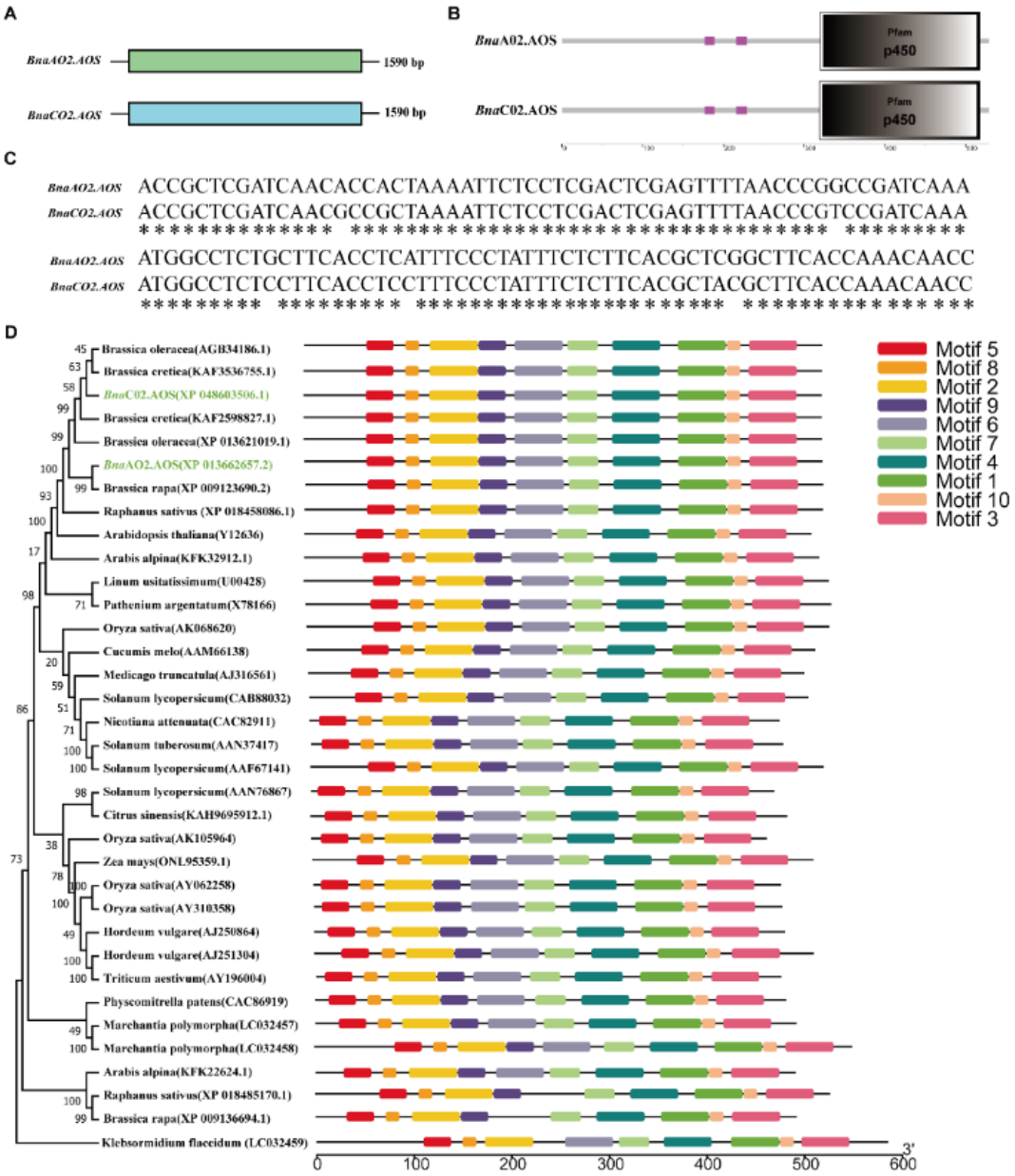



**图1** 甘蓝型油菜*BnaAOS*基因的序列特征及进化分析

**(A)** *BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*编码区长度示意图; **(B)** *Bna*A02.AOS和*Bna*C02.AOS蛋白的保守结构域分析，黑色方框表示Pfam p450 (CYP74)结构域; **(C)** *BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*的多序列比对结果，“*”表示比对序列中碱基完全一致的保守位点; **(D)** 不同植物物种AOS蛋白的系统发育关系及保守基序(motif)分析。左侧为系统发育树，右侧为基序组成示意图，不同颜色代表不同的保守基序。图中标注了各物种名称及其对应的蛋白编号。

**Figure 1** Sequence Characteristics and Evolutionary Analysis of *BnaAOS* Genes in *B. napus*

**(A)** Schematic diagram illustrating the coding region lengths of *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS*; **(B)** Analysis of conserved domains in *Bna*A02.AOS and *Bna*C02.AOS proteins, where black boxes represent the Pfam p450 (CYP74) domain; **(C)** Multiple sequence alignment results for *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS*, “*” indicates identical base pair between the aligned sequences; **(D)** Phylogenetic relationships and conserved motif analysis of AOS proteins across various plant species. The phylogenetic tree is displayed on the left, while the schematic diagram of motif composition is shown on the right, with different colors representing distinct conserved motifs. The names of each species and their corresponding protein identifiers are labeled in the figure.

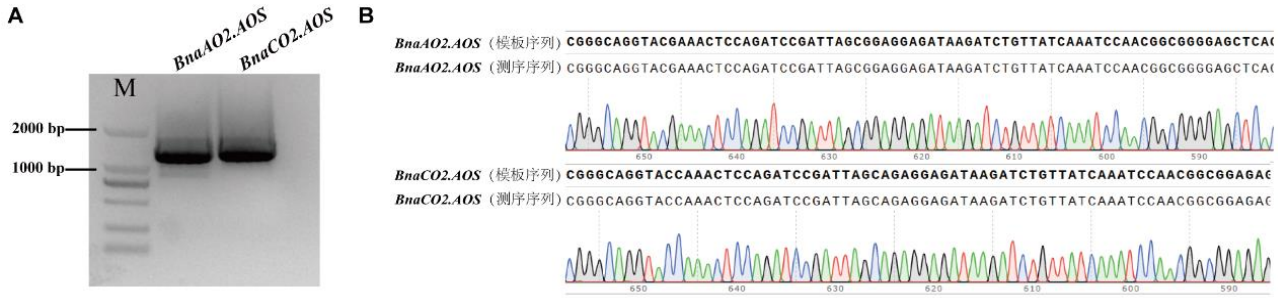



**图2** 甘蓝型油菜*BnaAOS*基因的克隆验证

**(A)** 甘蓝型油菜*BnaAOS*基因的PCR扩增的胶图结果。M: DNA Marker; *BnaA02.AOS*、*BnaC02.AOS*分别表示从甘蓝型油菜湘油15中扩增获得的*AOS* 基因编码区，扩增片段大小约为1590 bp; **(B)** *BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*的模板序列及克隆后重测序的测序序列的比对结果，该结果为四个序列在SnapGene软件当中比对的结果。

**Figure 2** Cloning Verification of *BnaAOS* Genes in *B. napus*

**(A)** Agarose gel electrophoresis results of PCR amplification for *BnaAOS* genes in *B. napus*. M: DNA Marker; *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS* represent the coding regions of the *AOS* genes amplified from the *B. napus* variety XY-15, with an amplicon size of approximately 1590 bp. **(B)** Alignment results comparing the template sequences of *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS* with their corresponding sequences obtained via re-sequencing after cloning; this result displays the alignment of the four sequences performed using SnapGene software.

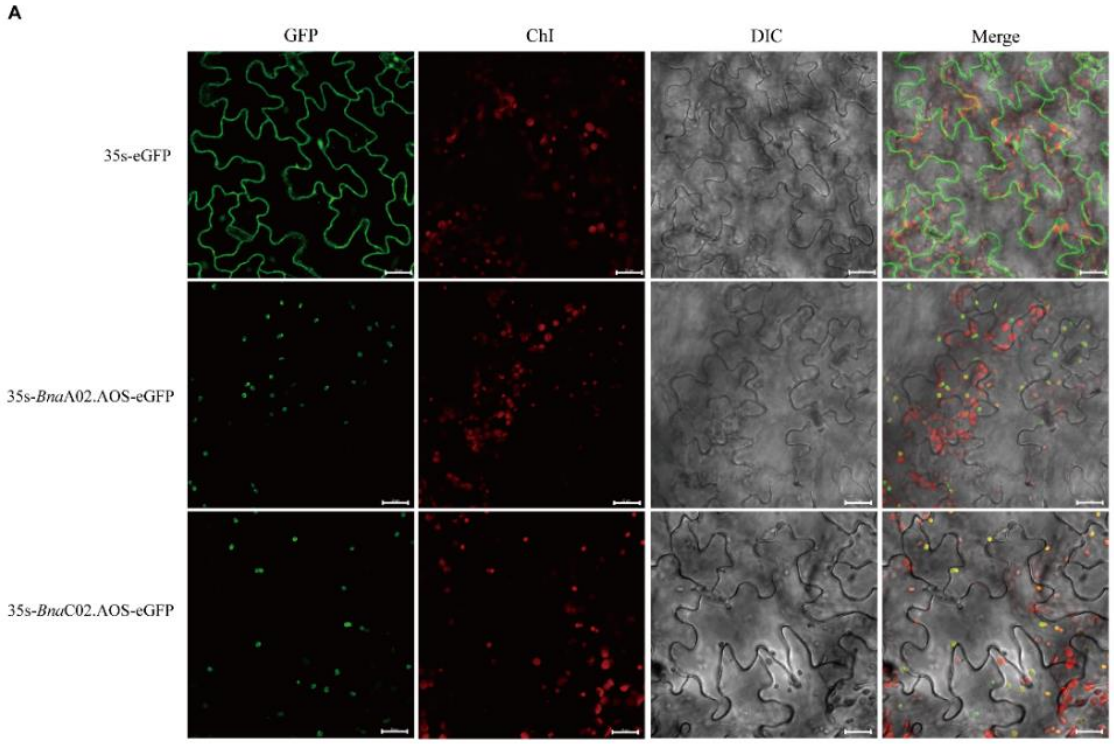



**图3** *Bna*AOS的亚细胞定位分析

GFP: 绿色荧光信号; Chl: 叶绿体自发红色荧光; DIC: 明场图像; Merge: 荧光叠加图像。Bar=20 μm

**Figure 3** Subcellular localization analysis of *BnaAOS*

GFP: Green fluorescence signal; Chl: Chloroplast autofluorescence; DIC: Bright-field image; Merge: Merged fluorescence image. Bar=20 μm

为进一步分析*Bna*AOS在油菜-核盘菌互作过程中的响应特征，采用qRT-PCR检测核盘菌侵染后不同时间点*BnaAOS*的表达变化。结果显示，*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*在侵染早期0-12 (hours post-inoculation, hpi)表达水平变化较小，而在侵染中后期(24 hpi和48 hpi)显著上调，其中*BnaA02.AOS*在24 hpi和48 hpi的诱导水平更为显著(图4A, B)。为比较不同物种中*AOS*的响应模式，同时检测了拟南芥中*AtAOS*在核盘菌侵染过程中的表达变化。结果表明，*AtAOS*在侵染中后期同样显著上调，并在24 hpi达到较高水平(图4C)，其表达趋势与甘蓝型油菜中*BnaAOS*基本一致。在此基础上，为进一步验证A信号通路在核盘菌侵染过程中的激活情况，检测了JA信号相关基因的表达变化。结果显示，甘蓝型油菜中*BnaMYC2* (*BnaC04g14850D*)以及拟南芥中*AtMYC2* (*AT1G32640*)和*AtPDF1.2* (*AT5G44420*)在侵染中后期均显著上调(图4D-F)，其表达趋势与*AOS*基因一致。上述结果表明，核盘菌侵染可诱导*AOS*基因表达，并伴随着JA信号通路关键调控因子及防御相关基因的激活，提示AOS可能通过调控JA信号参与植物对核盘菌的免疫响应过程。

### 2.4 *AtAOS*正调控拟南芥对核盘菌的抗性

以*aos*突变体以及本研究构建的3个*AtAOS*超表达株系作为材料，与野生型Col-0对比研究，发现*aos*突变体在生殖生长阶段表现出明显的败育表型，该表型与前人报道结果一致(Park et al., 2002)；而3个超表达株系在生长发育过程中未观察到明显异常(图5A, B)。为验证不同材料中*AtAOS*的表达水平，对上述材料进行RT-qPCR分析。结果显示，与Col-0相比，*aos*突变体中*AtAOS*表达水平显著降低，而3个超表达株系中*AtAOS*表达量均显著升高(图5C)。在此基础上，采用核盘菌野生型1980侵染离体叶片48 h后观察不同材料的侵染表型。结果表明，*aos*突变体叶片病斑面积显著大于Col-0，而3个超表达株系的病斑面积显著减小(图5D, E)。上述结果表明，*AtAOS*缺失显著削弱拟南芥对核盘菌的抗性，而超表达*AtAOS*则增强拟南芥的核盘菌抗性。

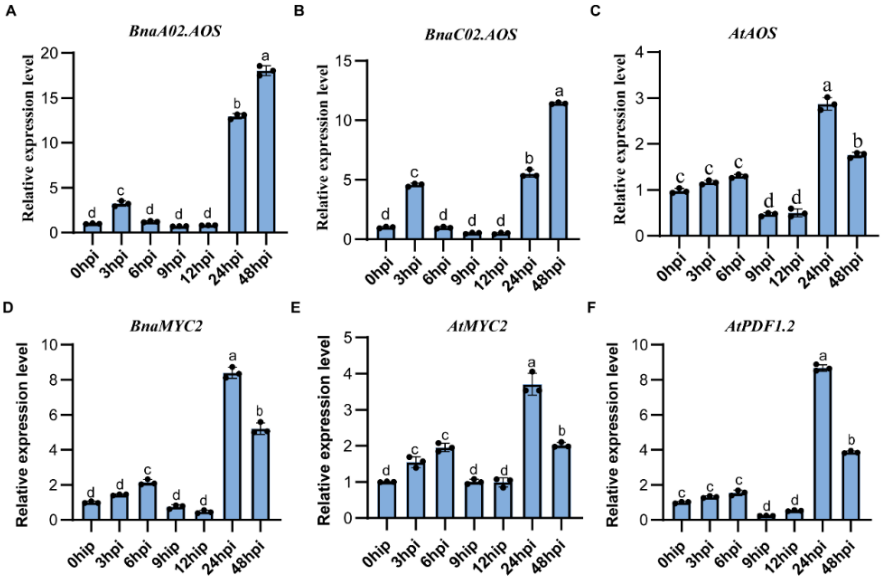



**图4** 核盘菌侵染过程中*AOS*及JA相关基因的表达模式

**(A), (B)** 甘蓝型油菜(*B. napus*)中*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*的相对表达水平; **(C)** 拟南芥(*A. thaliana*)中*AtAOS*的相对表达水平; **(D)** 甘蓝型油菜中*BnaMYC2*的表达; **(E), (F)** 拟南芥中*AtMYC2*和*AtPDF1.2*的表达。基因表达量通过qRT-PCR分析，甘蓝型油菜样品以*UBC9*为内参基因，拟南芥样品以*ACTIN1*为内参基因，并以0 hpi为对照进行归一化处理。数据为平均值±标准误($n$=3)，差异显著性分析采用单因素方差分析(one-way ANOVA)，不同小写字母表示在 $P$<0.05 水平下差异显著。

**Figure 4** Expression patterns of *AOS* and JA-related genes during *S. sclerotiorum* infection

**(A), (B)** Relative expression levels of *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS* in *B. napus*; **(C)** Relative expression level of *AtAOS* in *A. thaliana*; (D) Expression of *BnaMYC2* in *B. napus*; **(E), (F)** Expression of *AtMYC2* and *AtPDF1.2* in *A. thaliana*. Samples were

collected at indicated time points post-inoculation (hpi). Expression levels were normalized to *UBC9* (*B. napus*) and *ACTIN1* (*A. thaliana*). Data are presented as mean±standard error (*n*=3); statistical significance was determined using one-way ANOVA, with different lowercase letters indicating significant differences at the *P*<0.05 level.

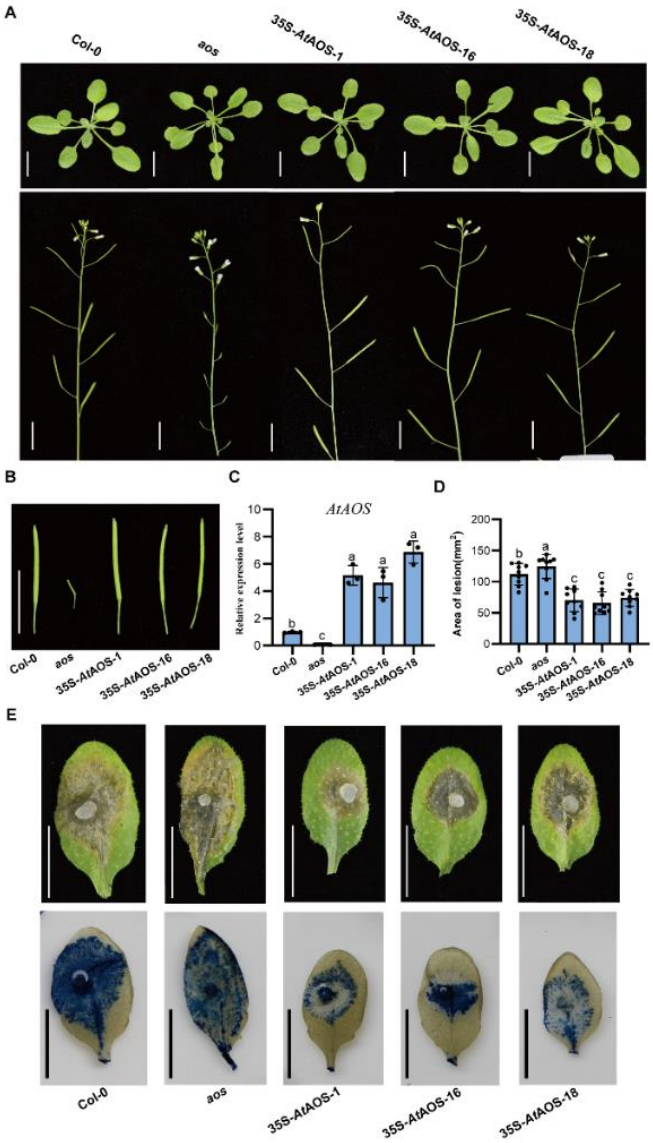



**图5** *AtAOS*对拟南芥生长发育及核盘菌抗性的调控作用

**(A), (B)** 拟南芥野生型Col-0、*aos*突变体及*AtAOS*超表达株系的生长表型; **(C)** *aos*突变体及 *AtAOS*超表达株系中*AtAOS*的相对表达水平; **(D)** 离体叶片接种核盘菌48 h后的病斑面积统计分析; **(E)** 离体叶片接种核盘菌48 h后的侵染表型, 其中上排为直接观察获得的叶片表型, 下排为经台盼蓝染色后的侵染表型。比例尺=1 cm。数据为平均值±标准误: **(C)** *n*=3、**(D)** *n*=9, 差异显著性分析采用单因素方差分析(one-way ANOVA), 不同小写字母表示在*P*<0.05 水平下差异显著。

**Figure 5** Regulatory effects of *AtAOS* on the growth & development, and *S. sclerotiorum* resistance of *A. thaliana*

**(A), (B)** Growth phenotypes of Arabidopsis wild-type Col-0, the *aos* mutant, and *AtAOS* overexpression lines; **(C)** Relative expression levels of *AtAOS* in the *aos* mutant and *AtAOS* overexpression lines; **(D)** Statistical analysis of lesion areas on detached leaves 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; **(E)** Infection phenotypes of detached leaves 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; the top row shows leaf phenotypes observed directly, while the bottom row shows infection phenotypes visualized via Trypan blue staining. Scale bar = 1 cm. Data represent mean±SE: **(C)** *n*=3, **(D)** *n*=9. Statistical significance was determined using one-way ANOVA; different lowercase letters indicate significant differences at the *P*<0.05 level.

© 植物学报 Chinese Bulletin of Botany

### 2.5 *BnaAOS*可异源回补拟南芥*aos*突变体表型

为验证甘蓝型油菜*BnaAOS*基因在抗核盘菌过程中的功能保守性，将*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*分别异源超表达于*aos*突变体背景中，并对其生长表型及核盘菌侵染表型进行分析。结果显示，与突变体相比，6个回补株系的败育表型得以恢复，其整体生长状态接近野生型Col-0 (图6A, B)。在离体叶片接种核盘菌48 h后，异源回补株系叶片的病斑面积显著小于*aos*突变体，其抗性水平得到明显恢复(图6C, D)。综上结果表明，甘蓝型油菜*BnaA02.AOS*和*BnaC02.AOS*能够在拟南芥中功能性替代*AtAOS*，其在甘蓝型油菜对核盘菌抗性调控过程中具有保守的正调控作用。

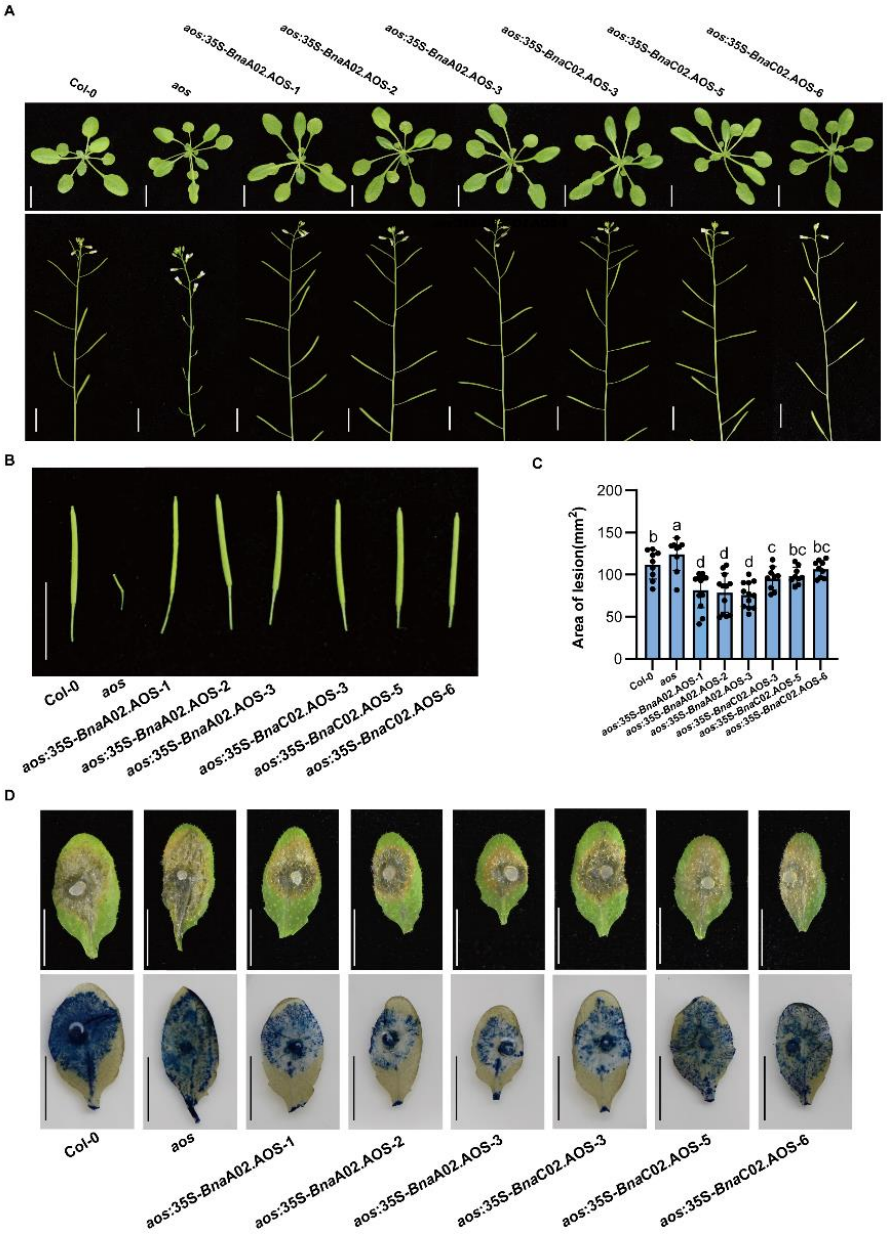



**图6** *BnaAOS*异源回补拟南芥*aos*突变体转基因植株的核盘菌抗性分析

**(A), (B)** 拟南芥野生型Col-0、*aos*突变体及异源表达*BnaA02.AOS*或*BnaC02.AOS*转基因株系的生长表型; **(C)** 接种核盘菌后48 h不同材料叶片病斑面积统计分析; **(D)** 离体叶片接种核盘菌48 h后的侵染表型，其中上排为直接观察获得的叶片表型，下排为经台盼蓝染色后的侵染表型。Bar=1 cm。数据为平均值±标准误(*n*=9)，差异显著性分析采用单因素方差分析(one-way ANOVA)，不同小写字母表示在*P*<0.05水平下差异显著。

**Figure 6** Analysis of *S. sclerotiorum* resistance in transgenic Arabidopsis *aos* mutants complemented heterologously with *BnaAOS*

**(A), (B)** Growth phenotypes of wild-type Arabidopsis Col-0, the *aos* mutant, and transgenic lines heterologously expressing *BnaA02.AOS* or *BnaC02.AOS*; **(C)** Statistical analysis of lesion areas on leaves of different genotypes 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; **(D)** Infection phenotypes of detached leaves 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; the top row shows leaf phenotypes observed directly, while the bottom row shows infection phenotypes visualized after Trypan blue staining. Scale bar=1 cm. Data represent means±standard errors ($n$=9); statistical significance was determined using one-way ANOVA, with different lowercase letters indicating significant differences at the $P$<0.05 level.

## 3 讨论

死体营养型病原菌通常通过诱导宿主细胞死亡来获取营养，植物对该类病原菌的防御往往依赖以茉莉酸(JA)为核心的信号调控网络，JA信号缺陷会显著削弱植物对死体营养型病原的抗性，而JA生物合成速率则直接影响防御强度(曹鹏等，2025)。因此，位于JA生物合成上游的关键酶是否在油菜抗核盘菌过程中发挥调控作用呢？

AOS作为JA生物合成途径中的关键限速酶，催化脂氧合产物向不稳定环氧中间体的转化，是连接脂肪酸氧化代谢与JA合成的核心节点。在拟南芥、水稻及马铃薯等物种中，*AOS*缺失或沉默均导致JA含量下降及抗病能力减弱，而超表达则增强防御反应，表明其在植物抗性形成中具有保守功能(Scalschi et al., 2015; Yuan et al., 2017; Zhang et al., 2021)。然而，在甘蓝型油菜中尚缺乏针对*AOS*基因克隆及其在抗核盘菌过程中的功能解析。本研究在甘蓝型油菜中鉴定到两个*BnaAOS*同源基因，且其编码蛋白在结构域组成及进化关系上高度保守，定位于叶绿体，与JA生物合成的亚细胞区室分布相一致。这一结构与定位特征为其参与JA合成提供了分子基础。

值得注意的是，甘蓝型油菜*BnaA02.AOS*与*BnaC02.AOS*均可在拟南芥*aos*突变体中恢复育性并恢复抗核盘菌能力，提示AOS在十字花科物种中具有显著的功能保守性。这种跨物种功能替代性不仅说明甘蓝型油菜*Bna*AOS在分子层面与 *At*AOS等效，也暗示JA生物合成途径在不同物种抗死体营养型病原的过程中维持了相对稳定的调控模式。在表达动态方面，本研究发现甘蓝型油菜与拟南芥*AOS*基因均在核盘菌侵染中后期显著上调。兼性营养型病原菌的侵染通常经历由短暂生物营养阶段向坏死阶段的转换，而JA信号在坏死扩展阶段尤为关键。*BnaAOS*的持续上调可能反映出宿主试图通过增强JA合成来限制病斑扩展及调控程序性细胞死亡，从而维持局部防御强度。这一表达模式与JA在抗核盘菌中的功能定位相一致。此外，*At*AOS 缺失导致拟南芥败育的表型进一步揭示JA在生长与免疫之间的平衡作用。JA既参与花器发育，又调控防御反应，其代谢通量的改变可能直接影响植物资源分配策略(孙雨桐等，2023)。因此，AOS既是发育调控因子，也是防御调控因子。*Bna*AOS的功能保守性表明，该基因在作物中可能同样承担生长—免疫权衡调节的关键角色。

本研究不仅在甘蓝型油菜中鉴定并分析了*AOS*同源基因的分子特征和侵染响应规律，还结合拟南芥遗传学体系，通过异源回补实验对其抗核盘菌功能进行了验证。与以往研究主要集中于模式植物中AOS功能解析不同，本研究将AOS的抗病功能拓展至重要油料作物甘蓝型油菜，并从功能层面证明了*Bna*AOS与*At*AOS在抗核盘菌过程中的等效性。该跨物种的功能验证进一步表明，JA生物合成关键步骤在不同植物抵御真菌病原菌过程中具有稳定的调控作用，也为从JA代谢上游解析油菜抗核盘菌机制提供了新证据。

### 作者贡献声明

农杰英：完成大部分实验，分析数据，撰写论文初稿；覃磊、崔看、李海鸥：参与部分实验及数据分析，修改论文；刘爱云、夏宇农：协助数据整理与分析；夏石头：研究整体构思及项目负责，指导实验设计、数据分析、论文写作与修改。

### 参考文献

**Ameye M, Audenaert K, De Zutter N, Steppe K, Van Meulebroek L, Vanhaecke L, De Vleesschauwer D, Haesaert G, Smagghe G**.(2015). Priming of wheat with the green leaf volatile Z-3-hexenyl acetate enhances defense against *Fusarium graminearum* but boosts deoxynivalenol production. Plant physiology 167, 1671–1684.

© 植物学报 Chinese Bulletin of Botany

**Caarls L, Pieterse C M, Van Wees S C**.(2015). How salicylic acid takes transcriptional control over jasmonic acid signaling. Frontiers in plant science 6, 170.

**Cao P, An W, Cui L J, Zhang M X**. (2025). Role and mechanism of the jasmonic acid pathway in plant-pathogen interactions. Life Science, 37, 500–513.

**曹鹏，安玉艳，崔浪军，张美祥** (2025). 茉莉酸途径在植物与病原菌互作中的作用和机制.生命科学, 37, 500–513.

**Cui K**. (2021). Functional analysis of RFC4 and RFC2 in regulating plant growth, development, and resistance. Doctoral Dissertation, Changsha: Hunan Agricultural University, p. 29.

**崔看**.(2021).RFC4与RFC2对植物生长发育和抗性的调控作用研究. 博士论文, 长沙: 湖南农业大学.pp29.

**Han T K, Zhou J, Xue Y J, Chen C X, Xie X Z**. (2013). Expression analysis of the allene oxide synthase gene OsAOS1 in rice. Shandong Agricultural Sciences, 45, 1–5.

**韩同凯,周晋军，薛彦久，陈翠霞，谢先芝**.(2013).水稻丙二烯氧化物合成酶基因OsAOS1的表达研究.山东农业科学, 45, 1–5.

**Koo A J, Howe G A**.(2009). The wound hormone jasmonate. Phytochemistry 70, 1571–1580.

**Kou Y, Wang S**.(2010). Broad-spectrum and durability: understanding of quantitative disease resistance. Current opinion in plant biology 13, 181–185.

**Lai Z, Mengiste T**.(2013). Genetic and cellular mechanisms regulating plant responses to necrotrophic pathogens. Current Opinion in Plant Biology 16, 505–512.

**Li Y, Liu Y Y, Liu L H**. (2023). Major diseases and insect pests of rapeseed and their control methods. Shanghai Vegetables, 45–47.

**李宇婕,刘勇勇，刘丽华**.(2023).油菜主要病虫害及其防治方法.上海蔬菜, 45–47.

**Liu W Y**. (2024). Spatiotemporal evolution and influencing factors of rapeseed production layout in China. (Henan University of Technology).

**刘煜妍**.(2024).我国油菜生产布局时空演变及影响因素研究.(河南工业大学).

**Macioszek V K, Jęcz T, Ciereszko I, Kononowicz A K**.(2023). Jasmonic acid as a mediator in plant response to necrotrophic fungi. Cells 12, 1027.

**McCombe C L, Greenwood J R, Solomon P S, Williams S J**.(2022). Molecular plant immunity against biotrophic, hemibiotrophic, and necrotrophic fungi. Essays Biochem 66, 581–593.

**Mei C, Qi M, Sheng G, Yang Y**.(2006). Inducible overexpression of a rice allene oxide synthase gene increases the endogenous jasmonic acid level, PR gene expression, and host resistance to fungal infection. Molecular plant-microbe interactions 19, 1127–1137.

**Miao P G, Ren J R, Zhang Z, Zhou Z Y, Jiang L X, Chen M M**. (2025). Effects of Sclerotinia stem rot on yield and quality of different rapeseed varieties in Guanzhong region. Cold Arid Agriculture Science,4,182–187.

**缪平贵，任军荣，张智，周忠玉，姜丽霞，陈妙妙**.(2025).菌核病对关中地区不同油菜品种产量及品质的影响. 寒旱农业科学, 4, 182–187.

**Nabi Z, Manzoor S, Nabi S U, Wani T A, Gulzar H, Farooq M, Arya V M, Baloch F S, Vlădulescu C, Popescu S M**.(2024). Pattern-Triggered Immunity and Effector-Triggered Immunity: crosstalk and cooperation of PRR and NLR-mediated plant defense pathways during host–pathogen interactions. Physiology and Molecular Biology of Plants 30, 587–604.

**Pajerowska-Mukhtar K M, Mukhtar M S, Guex N, Halim V A, Rosahl S, Somssich I E, Gebhardt C**.(2008). Natural variation of potato allene oxide synthase 2 causes differential levels of jasmonates and pathogen resistance in Arabidopsis. Planta 228, 293–306.

**Park J H, Halitschke R, Kim H B, Baldwin I T, Feldmann K A, Feyereisen R**.(2002). A knock-out mutation in allene oxide synthase results in male sterility and defective wound signal transduction in Arabidopsis due to a block in jasmonic acid biosynthesis. Plant J 31, 1–12.

**Poland J A, Balint-Kurti P J, Wisser R J, Pratt R C, Nelson R J**.(2009). Shades of gray: the world of quantitative disease resistance. Trends in plant science 14, 21–29.

**Scalschi L, Sanmartín M, Camañes G, Troncho P, Sánchez-Serrano J J, García-Agustín P, Vicedo B**. (2015). Silencing of OPR3 in tomato reveals the role of OPDA in callose deposition during the activation of defense responses against Botrytis cinerea. Plant J 81, 304– 315.

**Sun Y T, Liu D S, Qi X, Feng M, Huang X Z, Yao W K**. (2023). Research progress on jasmonic acid in regulating plant growth, development, and stress responses. Biotechnology Bulletin, 39, 99–109.

**孙雨桐，刘德帅，齐迅,冯美，黄栩箏，姚文孔**.(2023).茉莉酸调控植物生长发育和胁迫的研究进展.生物技术通报, 39, 99–109.

**Wang W**. (2024). Research progress on microbial control of Sclerotinia stem rot in China. Biological Disaster Science,

47, 172–179.

**王伟**.(2024).中国油菜菌核病微生物防治研究进展.生物灾害科学, 47, 172–179.

**Wang Z, Fang H, Chen Y, Chen K, Li G, Gu S, Tan X**.(2014). Overexpression of *BnWRKY33* in oilseed rape enhances resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. Molecular Plant Pathology 15, 677–689.

**Wasternack C, Hause B**.(2013). Jasmonates: biosynthesis, perception, signal transduction and action in plant stress response, growth and development. An update to the 2007 review in Annals of Botany. Annals of botany 111, 1021–1058.

**Wasternack C, Song S**.(2017). Jasmonates: biosynthesis, metabolism, and signaling by proteins activating and repressing transcription. Journal of experimental botany 68, 1303–1321.

**Wasternack C, Strnad M**.(2018). Jasmonates: news on occurrence, biosynthesis, metabolism and action of an ancient group of signaling compounds. International journal of molecular sciences 19, 2539.

**Wu J.** (2015). Genetic basis and molecular mechanisms of resistance to Sclerotinia stem rot in Brassica napus. Doctoral Dissertation, Wuhan: Huazhong Agricultural University, pp. i–iii.

**吴健**.(2015).甘蓝型油菜抗菌核病的遗传基础及分子机制解析.博士论文, 武汉: 华中农业大学.ppi–iii.

**Wu J**, Zhou YM, Wang YP. (2018). Advances in molecular mechanisms of interaction between rapeseed and *Sclerotinia sclerotiorum*. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 40, 721–729.

**吴健, 周永明, 王幼平**.(2018). 油菜与核盘菌互作分子机理研究进展. 中国油料作物学报, 40, 721–729.

**Wu J J**. (2008). Cloning and functional analysis of the allene oxide synthase gene (GmAOS) insoy bean. Doctoral Dissertation, Nanjing: Nanjing Agricultural University, pp i–ii.

**吴娟娟**.(2008).大豆丙二烯氧化物合酶基因(GmAOS)的克隆和功能研究. 博士论文, 南京: 南京农业大学.ppi –ii.

**Wu N, Qin L, Cui K, Li H O, Liu Z S, Xia S T**. (2023). Cloning of EXA1 in *Brassica napus* and its regulatory role in plant disease resistance. Journal of Plant Biology, 58, 385–393.

**吴楠, 覃磊, 崔看, 李海鸥, 刘忠松, 夏石头**.(2023). 甘蓝型油菜EXA1的克隆及其对植物抗病的调控作用. 植物学报, 58, 385–393.

**Wu J, Cai G, Tu J, Li L, Liu S, Luo X, Zhou L, Fan C, Zhou Y**.(2013). Identification of QTLs for resistance to sclerotinia stem rot and *BnaC.IGMT5.a* as a candidate gene of the major resistant QTL SRC6 in Brassica napus. PLoS One 8, e67740.

**Wu J, Zhao Q, Yang Q, Liu H, Li Q, Yi X, Cheng Y, Guo L, Fan C, Zhou Y**.(2016). Comparative transcriptomic analysis uncovers the complex genetic network for resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in *Brassica napus*. Scientific reports 6, 19007.

**Yin S L**. (2021). Genetic analysis and germplasm innovation of resistance to Sclerotinia stem rot in *Brassica napus*. Master's Thesis, Yangzhou: Yangzhou University. pp. iii.

**殷生亮**.(2021).甘蓝型油菜抗菌核病的遗传分析和种质创新.硕士论文, 扬州: 扬州大学.pp iii.

**Yuan H M, Liu W C, Lu Y T**.(2017). CATALASE2 Coordinates SA-Mediated Repression of Both Auxin Accumulation and JA Biosynthesis in Plant Defenses. Cell Host Microbe 21, 143–155.

**Zhang K, Li H J, Zhang J F, Cui C, Chai L, Zheng B C, Jiang J, Dai C, Tu J X, Jiang L C**. (2023). Research progress on resistance to Sclerotinia stem rot in *Brassica napus*. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 45, 1095–1102.

**张卡, 李浩杰, 张锦芳, 崔成, 柴靓, 郑本川, 蒋俊, 戴成, 涂金星, 蒋梁材**.(2023).甘蓝型油菜菌核病抗病性研究进展. 中国油料作物学报,45,1095–1102

**Zhang L H**. (2022). Functional analysis of CsAOS1-2 in response to infection by citrus canker pathogen. Master's Thesis, Chongqing: Southwest University, pp. I–II.

**张乐欢**.(2022).丙二烯氧化物合酶CsAOS1-2响应柑橘溃疡病菌侵染的功能研究.硕士论文, 重庆: 西南大学.ppI–II.

**Zhang P J, Zhao C, Ye Z H, Yu X P**.(2020). Trade-off between defense priming by herbivore-induced plant volatiles and constitutive defense in tomato. Pest management science 76, 1893–1901.

**Zhang Y, Song R F, Yuan H M, Li T T, Wang L F, Lu K K, Guo J X, Liu W C**.(2021). Overexpressing the N-terminus of CATALASE2 enhances plant jasmonic acid biosynthesis and resistance to necrotrophic pathogen *Botrytis cinerea* B05.10. Mol Plant Pathol 22, 1226–1238.

**Zhang Y T, Zhang Y L, Chen S X, Yin G H, Yang Z Z, Lee S, Liu C G, Zhao D D, Ma Y K, Song F Q**.(2015). Proteomics of methyl jasmonate induced defense response in maize leaves against Asian corn borer. BMC genomics 16, 224.

**Zhao J, Meng J**.(2003). Genetic analysis of loci associated

with partial resistance to Sclerotinia sclerotiorum in rapeseed (Brassica napus L.). Theor Appl Genet 106, 759–764.

**Zhao J, Udall J A, Quijada P A, Grau C R, Meng J, Osborn T C**.(2006). Quantitative trait loci for resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* and its association with a homeologous non-reciprocal transposition in Brassica napus L. Theor Appl Genet 112, 509–516.

# Identification of *BnaAOS* in *Brassica napus* and its regulatory effect on resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*

Jinying Nong[1], Lei Qin[2, 3], Aiyun Liu[1], Kan Cui[2, 4], Yunong Xia[1], Haiou Li[1], Shitou Xia[1*]

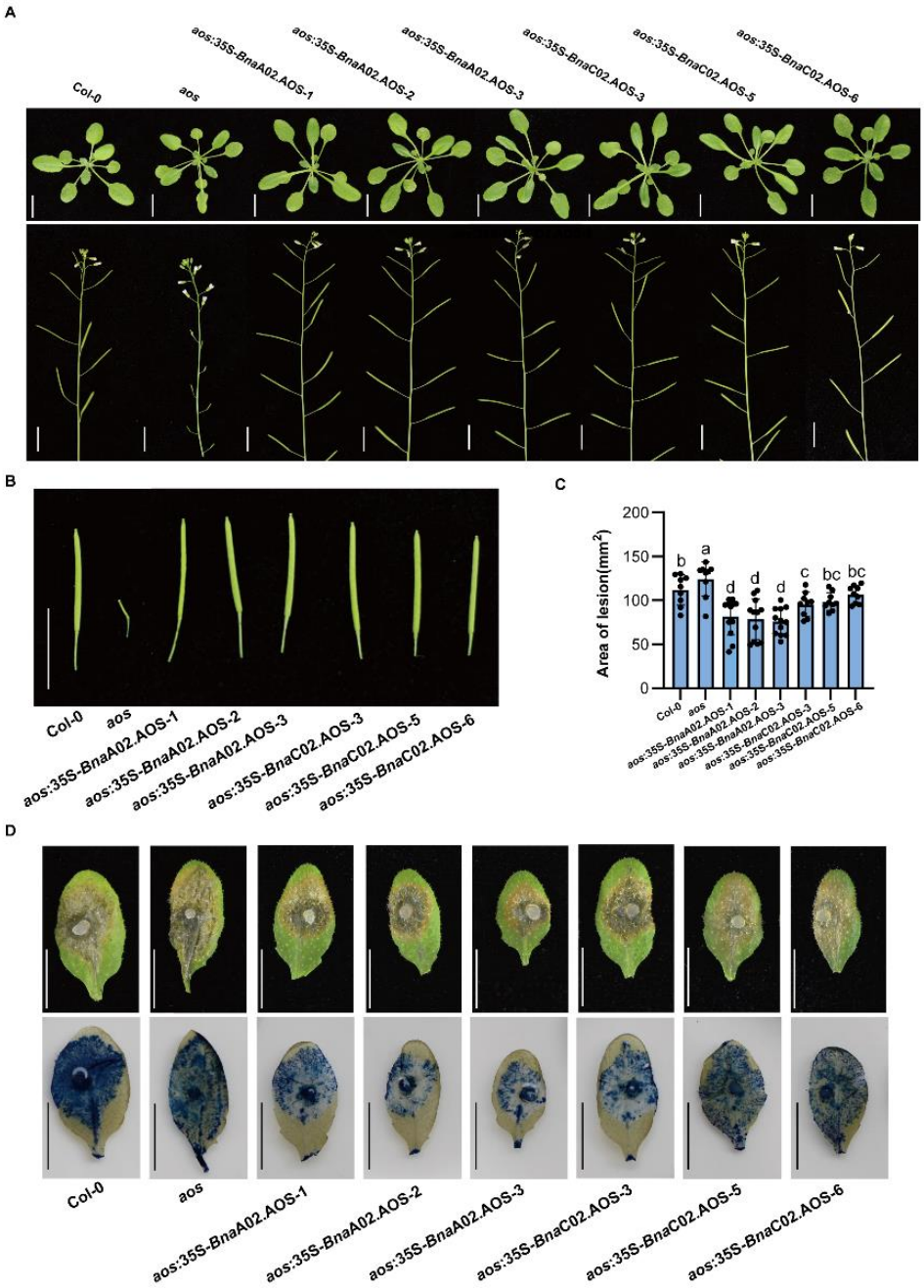
*Hunan Provincial Key Laboratory of Plant Hormones and Growth Development, College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; Yuelu Mountain Laboratory, Changsha, Hunan 410128; Crop Research Institute of Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China; Plant Protection Research Institute of Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China*

**INTRODUCTION:** *Sclerotinia sclerotiorum* is a destructive fungal pathogen that severely threatens the production of *Brassica napus*. Jasmonic acid (JA) signaling plays a central role in plant defense against necrotrophic pathogens. Allene oxide synthase (AOS) is a key rate-limiting enzyme in JA biosynthesis; however, its function in rapeseed resistance to *S. sclerotiorum* remains unclear.

**RATIONALE:** Previous studies have demonstrated that AOS contributes to disease resistance in model plants, but its role in *B. napus* has not been systematically investigated. We hypothesized that *BnaAOS* genes participate in JA-mediated defense against *S. sclerotiorum*. To test this, we combined gene identification, expression analysis, and heterologous genetic approaches to study its function.

**RESULTS:** Two AOS homologs, *BnaA02.AOS* and *BnaC02.AOS*, were identified in *B. napus*, both encoding conserved proteins localized in chloroplasts. Expression analysis revealed that *BnaAOS* and *AtAOS* were significantly induced at the late stages of infection. Moreover, JA signaling-related genes (*MYC2* and *PDF1.2*) were upregulated in response to pathogen invasion. Genetic analysis in *Arabidopsis thaliana* showed that the *aos* mutant exhibited increased susceptibility, whereas *AtAOS* overexpression enhanced its resistance to *S. sclerotiorum*. Importantly, heterologous expression of *Bna*AOS restored both fertility and disease resistance in the *aos* mutant, demonstrating the functional equivalence of *Bna*AOS in *A. thaliana*.

**CONCLUSION:** Our results indicate that AOS positively regulates plant resistance to *S. sclerotiorum* through JA-mediated defense pathways. The functional conservation of *Bna*AOS highlights its role as a key component in JA biosynthesis, and provides a foundation for disease resistance management in rapeseed.




**Analysis of Sclerotinia resistance in transgenic Arabidopsis *aos* mutants complemented heterologously with *BnaAOS*. (A, B)** Growth phenotypes of wild-type *Arabidopsis* Col-0, the *aos* mutant, and transgenic lines heterologously expressing *BnaA02.AOS* or *BnaC02.AOS*; **(C)** Statistical analysis of lesion areas on leaves of different genotypes 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; **(D)** Infection phenotypes of detached leaves 48 h after inoculation with *S. sclerotiorum*; the top row shows leaf phenotypes observed directly, while the bottom row shows infection phenotypes visualized after Trypan blue staining. Scale bar=1 cm. Data represent means±standard errors (n=9); statistical significance was determined using one-way ANOVA, with different lowercase letters indicating significant differences at the $P<0.05$ level.

**Key words** *B. napus*, *S. sclerotiorum*, Jasmonic acid, AOS, disease resistance

**Nong JY, Qin L, Liu AY, Cui K, Xia YN, Li HO, Xia ST** (2026). Identification of *BnaAOS* in *Brassica napus* and its regulatory effect on resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. *Chin Bull Bot* **62**, 1–15.

© 植物学报 Chinese Bulletin of Botany

* Author for correspondence. E-mail: xstone0505@hunau.edu.cn

(责任编辑: 朱亚娜)

**通讯作者/团队简介**

**夏石头**, 湖南农业大学二级教授, 博士生导师。长期从事植物免疫和植物与微生物互作研究, 重点关注油菜等作物与核盘菌等真菌的互作机制。主持完成多项国家自然科学基金和湖南省自然科学杰出青年基金等项目。在*eLife*、*Plant Physiology*、*Journal of Fungi*和《植物学报》等重要核心期刊上发表高水平研究论文100余篇。曾获“湖南省科技进步一等奖”、“湖南省第二届优秀科技工作者”和“湖南省高等教育省级教学成果一等奖”等奖项。