

西瓜嗜酸菌分泌系统的研究进展

安心^{1,2}, 王铁霖², 杨玉文², 唐爽爽¹, 刘志恒¹, 赵廷昌²

(1. 沈阳农业大学 植物保护学院, 辽宁 沈阳 110161; 2. 中国农业科学院 植物保护研究所, 北京 100193)

摘要:植物病原细菌多为革兰氏阴性菌。细菌的分泌系统与其致病性有密切的联系,其研究对揭示植物病原细菌的致病机理具有重要意义。现从细菌分泌系统、西瓜嗜酸菌致病机理及Ⅱ型和Ⅲ型分泌系统与西瓜嗜酸菌致病性之间的关系等角度出发,重点阐述了与西瓜嗜酸菌分泌系统有关的功能基因,为进一步研究西瓜嗜酸菌的作用机理及寻找其致病性靶标提供理论依据。

关键词:西瓜嗜酸菌; T2SS; T3SS; 功能基因; 致病性

中图分类号: S 651 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2014)14-0196-04

瓜类细菌性果斑病是种传细菌性病害,其病原菌为西瓜嗜酸菌(*Acidovorax citrulli*)^[1]。西瓜嗜酸菌为革兰氏阴性菌,常引起西瓜、甜瓜和南瓜等葫芦科重要经济作物的果斑病(Bacterial fruit blotch, BFB)。在我国,该病害于1998年首次报道^[2],相继在新疆维吾尔自治区和内蒙古自治区^[3]、吉林省^[4]和山东省^[5]等十几个省区相继发生,目前已经成为我国西、甜瓜生产上的重要病害。由于该病病原细菌种内的多样性及其与寄主、环境相互作用的复杂性,使该病害难以得到有效防治^[6]。

迄今为止尚未发现对瓜类细菌性果斑病免疫或高抗的品种,故研究该病病原菌的致病机理尤为重要。革兰氏阴性菌是通过几种固定的蛋白分泌系统来分泌效应因子,目前研究较为深入的主要有I~VI型6种蛋白分泌系统,与病原菌的致病性有密切的联系,其研究对揭示植物病原细菌的致病机理具有重要意义。现从细菌分泌系统、西瓜嗜酸菌致病机理及Ⅱ型和Ⅲ型分泌系统

与西瓜嗜酸菌致病性之间的关系等角度出发,重点阐述了与西瓜嗜酸菌分泌系统有关的功能基因,以期为进一步研究西瓜嗜酸菌的作用机理及寻找其致病性靶标提供理论依据。

1 细菌的分泌系统

革兰氏阴性菌是通过几种固定的蛋白分泌系统来分泌效应因子。其中I型、Ⅲ型、Ⅳ型和Ⅵ型分泌系统的结构相似,它们的装置都是横跨细菌内膜-周质-外膜,可以一步将外泌蛋白分泌到细胞膜外膜^[7-11]。而另外的一些蛋白第一步则需要通过通用型的分泌系统分泌到周质间隙,再通过Ⅱ型、Ⅴ型或者极少数通过I型、Ⅳ型分泌途径穿过外膜。并且一步蛋白分泌系统的转位蛋白都缺少N-端信号肽序列,这就区别了Ⅱ型分泌系统、Ⅴ型分泌系统。后2种分泌系统需要通过一般分泌途径(Sec-pathway)或双精氨酸分泌途径(Tat-pathway)将蛋白转运出细胞内膜,并且它们需要识别分泌蛋白N-端信号肽序列^[12-14]。

2 西瓜嗜酸菌Ⅲ型分泌系统与致病性

Ⅲ型分泌系统(Type III secretion system, T3SS)广泛地存在于动、植物病原细菌中,是目前已知的最为复杂的蛋白分泌系统,整个分泌系统需要多种蛋白的参与^[15]。T3SS是非Sec依赖性的,作为一步分泌系统的它,分泌的蛋白质不在周质中停留,而是直接从细菌细

第一作者简介:安心(1990-),女,硕士研究生,研究方向为分子植物病理学。E-mail:422704011@qq.com.

责任作者:赵廷昌(1964-),男,博士,研究员,现主要从事分子植物病理学等研究工作。E-mail:tingchangzhao@gmail.com.

基金项目:国家公益性行业(农业)科研专项资助项目(201003066);国家西甜瓜产业技术体系资助项目(CARS-36)。

收稿日期:2014-03-25

Abstract: *Ophiocordyceps sinensis*, an entomogenous fungus parasitic in the larvae of ghost moths (Lepidoptera), has always been used as one of the most valued Traditional Chinese Medicines from Tibetan Plateau. Identification of *Ophiocordyceps sinensis* genetic germplasm is the basis of scientific research and resource development. Therefore, the biosystematic advances of *O. sinensis* including denomination, classification, anamorph, genetic diversity and geographical differentiation were introduced, aiming to provide the theoretical references to biological researches and sustainable use of this precious mushroom.

Key words: *Ophiocordyceps sinensis*; *Hirsutella sinensis*; host insect; biosystematics; Tibetan plateau

胞内部分泌到细胞外。它分泌的蛋白质同样也不经过加工的多肽形式。T3SS是目前发现的革兰氏阴性菌的最复杂的蛋白分泌系统,整个分泌系统需要多种蛋白的参与。所有Ⅲ型分泌系统的蛋白质可分为4类^[16]:细菌膜上的装置蛋白(Bacterial membrane apparatus proteins)、转位蛋白(Translocon proteins)、被转运的效应子蛋白(Translocated effector proteins)、T3SS分子伴侣蛋白(Type III chaperones)^[17-18]。

植物病原细菌的Ⅲ型分泌系统的针形转运装置横跨细菌内外膜,直接将蛋白质分泌到细胞外的植物细胞内。所分泌的Avr无毒蛋白与寄主植物抗性蛋白专一识别,在抗病寄主和非寄主植物中有过敏性反应(Hypersensitive response, HR反应)^[19-20]。

在所有已知的动植物致病菌中,T3SS的结构都是高度保守的。T3SS由*hrp*(Hypersensitive response and pathogenicity)基因编码,*hrp*基因簇由20多个基因组成,其中大约有11个在几乎所有的细菌中是保守的,定义为*hrp*基因。这些*hrp*基因的主要功能是组装复杂的纤毛(pilus)和分泌效应因子。编码T3SS的相关基因与编码鞭毛的基因具有一定的同源性。

*hrp*基因通常成簇出现,约20~25 kb^[21],通过序列比对分析,可将*hrp*基因簇分成2类。第1类主要包括丁香假单胞菌及相关植物内生菌的*hrp*基因簇;第2类包括黄单胞菌属(*Xanthomonas*)及茄科雷尔氏菌属(*Ralstonia*)的*hrp*基因簇^[21-22]。

西瓜嗜酸菌Ⅱ组菌株AAC00-1的*hrp*基因簇包括由20多个保守基因组成的*hrp*基因簇。通过序列分析及基因簇的比对,将该基因簇归类为第2类。同时,根据AAC00-1基因组注释判断,证明西瓜嗜酸菌的*hrp*基因簇中至少有11个假定的T3SS效应子与黄单胞菌已知的效应子同源。但是,在亚组Ⅰ和亚组Ⅱ中,大部分效应子的序列是存在一定差异的;另外,有一些效应子在亚组Ⅰ菌株中存在,在亚组Ⅱ中不存在或无功能^[23]。因此推测,在西瓜嗜酸菌不同亚组中,T3SS结构基因的差异与其寄主关系密切。

目前对西瓜嗜酸菌T3SS的研究还处于基因功能验证阶段,尚鲜见有关调控机制深入研究的报道。西瓜嗜酸菌T3SS结构基因*hrcC*的缺失突变株致病力减弱、不能引起过敏性反应,但该基因的缺失并不影响致病菌在种子中定殖。这一结果表明T3SS对果斑病菌的致病性有重要作用,与细菌的定殖无关。同时,*hrcC*被敲除后,该病原菌的数量虽然有所减少,但突变体仍然具有侵染寄主并在种子表面定殖的能力,这说明除了Ⅲ型分泌系统外,还有其它分泌系统对西瓜嗜酸菌的致病力起着重要作用。另外该基因缺失突变株对西瓜成株没有致病能力,但能够侵染发芽的种子。在雌瓜开花时用AAC00-1

的*hrcC*基因缺失突变菌株喷雾保护后再用AAC00-1侵染,随机抽样检查幼苗带菌率仅为8%,其幼苗带菌率明显低于用0.1 M磷酸盐缓冲液(36%)做保护剂。病原菌与宿主细胞接触后,T3SS得以启动,分泌与毒力有关的多种蛋白质,与相应的伴侣蛋白结合,发挥毒性作用。这一试验结论首次证明,T3SS功能基因缺失菌株可以作为生防菌,为果斑病的防治提供了新的思路和方法^[24]。

国内利用转座子Mini-Tn5构建了果斑病菌的突变体库,筛选到1株致病性明显减弱的突变株 $\Delta hrcR$,该突变株不能引起烟草过敏反应^[25]。*hpaA*和*hrpG*基因缺失后,病原菌的鞭毛缺失且细胞形态发生显著变化,而*hrcT*和*hrcC*基因缺失不影响鞭毛和细胞形态的变化^[26]。在烟草和哈密瓜叶片上接种的试验结果显示,*hpaA*、*hrcT*和*hrcC*基因缺失的突变体均失去在烟草上的过敏反应和在哈密瓜叶片上的致病性;缺失*hrpG*基因的突变体在烟草上的过敏反应和在哈密瓜上的致病性则显著减弱;且4个突变株的定殖能力均显著下降。通过构建了*hpaP*基因突变株,其致病性完全丧失并失去激发烟草过敏反应的能力^[27]。*hpaP*基因是瓜类果斑病菌Ⅲ型分泌系统中的保守基因,该基因突变影响了供试菌株的游动性、生物膜的形成能力及*hrcV*基因的表达。证实了果斑病菌中的*hpaP*基因与该细菌的致病力相关,在侵染瓜类作物的过程中起着不可缺失的作用。

以上试验结论证明,在西瓜嗜酸菌中T3SS不仅与其致病力及对非寄主的过敏性反应有关,还能够影响其定殖能力和运动能力。证明瓜类细菌性果斑病菌*hrp*基因作为Ⅲ型分泌系统关键组份影响病原细菌对寄主植物的致病性和对非寄主及抗病植物的过敏性反应。

国内筛选到了Ⅲ型分泌系统ATP酶基因*hrcN*缺失突变体,该基因属于AAA+ATPase家族,产物为ATPase,该家族蛋白可以利用水解ATP的能量重塑多种底物蛋白,从而在蛋白修饰、膜融合和降解等多种生理过程中发挥功能,对病原菌Ⅲ型系统致病性和功能性是必须的^[28]。同时对西瓜嗜酸菌*hrcN*基因与其它代表性的植物病原细菌的序列比对分析表明,果斑病菌Ⅲ型分泌系统与茄科雷尔氏菌、野油菜黄单胞菌亲缘关系较近,与丁香假单胞菌和欧文氏杆菌较远,这一试验结论,与前人的预测结果一致^[29-30]。

3 西瓜嗜酸菌Ⅱ型分泌系统与致病性

尽管T3SS对细菌的致病性贡献最大,但研究发现,当*hrp*基因缺失后,细菌仍然具有侵染和系统定殖维管束的能力,推测这种能力与Ⅱ型分泌系统(Type II secretion system, T2SS)有关。T2SS主要包括3类主要的分泌元件:1类主要为跨膜系统提供能量,包括一系列的內

膜蛋白(SecD, SecE 和 SecY);一个胞内附膜蛋白ATPase (SecA);1类与分泌蛋白相结合的分子伴侣(SecB)以及分布在周质中的信号肽切除酶^[31]。该系统主要以分泌途径转膜蛋白(General secretory path way trans-membrane protein, GSP)基因簇为中心,通过2步转移将蛋白质从细胞内运输到细胞外。即胞外蛋白首先通过Sec途径或者双精氨酸途径(Twin-arginine protein translocation, Tat)跨过细胞内膜分泌到细胞周质,然后再通过外膜分泌素穿过微孔蛋白分泌到胞外。Ⅱ型分泌系统分泌的毒性蛋白能够破坏寄主细胞,引起组织坏死和感病^[32]。植物病原细菌通过T2SS分泌降解植物细胞壁的酶及多种毒性因子,破坏寄主细胞,导致组织坏死,因此,T2SS在细菌的致病过程中同样具有举足轻重的作用^[33-34]。

西瓜嗜酸菌 AAC00-1 有 2 套 T2SS 基因簇:1 套基因簇 *gsp1*, 缺少基因 *gspA*、*gspB*、*gspS* 和 *gspF*; 另 1 套基因簇 *gsp2*, 缺少基因 *gspA*、*gspB*、*gspS* 和 *gspF*; 因此 *gspG* 基因在西瓜嗜酸菌中是双拷贝的。将西瓜嗜酸菌中 2 个 *gspG* 基因敲除, 突变株丧失分泌内切葡聚糖酶的能力, 这就证明了 T2SS 在西瓜嗜酸菌中调节相关毒性因子的分泌。与野生型相比, 突变株对种子的附着能力下降, 说明西瓜嗜酸菌的 T2SS 可能作为毒性因子存在, 同时影响了病原菌对寄主作物种子的附着力。T2SS 的前菌毛素肽酶 *pilO* 基因的突变株在种子中的定殖能力明显降低, 幼苗的发病率从野生型的 91.5% 降低至 11%^[24]。试验结果表明, T2SS 影响西瓜嗜酸菌的定殖和病菌从种子到幼苗的传播能力。

对 AAC00-1 基因组的分析, 西瓜嗜酸菌 AAC00-1 基因组有假设的 3 个细胞壁降解酶: 内切葡聚糖酶、木聚糖酶和果胶酶。迄今为止, 只有相关报道证明内切葡聚糖酶存在, 并对西瓜嗜酸菌的附着能力有一定的影响, 而尚未有与果胶酶和木聚糖酶相关的文献报道^[24]。

因此对于西瓜嗜酸菌 T2SS 系统对病原菌从种子到幼苗的传播过程中, 对种子的粘附作用, 寄主的定殖等调节作用尚需进一步研究。

4 西瓜嗜酸菌Ⅲ型分泌系统与Ⅱ型分泌系统的关系

Ⅲ型分泌系统与Ⅱ型分泌系统之间存在相互影响的关系。*Ralstonia solanacearum* 的Ⅱ型分泌系统可能影响Ⅲ型分泌系统中一些特有蛋白如 PopB 的分泌, 而且很多通过Ⅱ型分泌系统分泌编码蛋白的基因, 包括 *pehC*, 均受到 *hrpB* 的正向调控^[35]。在柑橘溃疡病菌 (*Xanthomonas axonopodis* pv. *citri*) 中, *hrpG* 不仅调控Ⅲ型分泌系统, 也正向调控一些通过Ⅱ型分泌系统分泌的蛋白^[36]。

在西瓜嗜酸菌中, 利用 T3SS 突变株试验证明, 在种

子发芽的前 6 d, 西瓜嗜酸菌作为附生菌存在, 因为它不需要相关效应蛋白在种子上定殖^[24]。因此可以假设, 可能是其它分泌系统, 如 T2SS 调节西瓜嗜酸菌在西瓜种子上的附着。而在对种子的定殖和幼苗的侵染试验中, AAC00-1 中 *gspG1/G2* 基因缺失突变株在种子播种 96 h 之内对种子的定殖能力与野生型相比明显下降, 同时对幼苗的致病力也下降, 证明了 T2SS 分泌系统调控西瓜嗜酸菌 AAC00-1 对种子到幼苗期的定殖作用, 同时影响了病原菌的致病力。然而在西瓜嗜酸菌中, T2SS 与 T3SS 是否存在着共同调节的地方, 需要进一步试验证明。

5 问题与展望

瓜类细菌性果斑病对西甜瓜产业造成了严重的损失, 近年来, 对瓜类果斑病的研究取得了许多进展, 关于该病害的研究主要集中在病原鉴定、种子带菌检测、药剂防治、遗传多样性等方面, 但对病原菌的致病机制研究尚不深入, 主要表现在, 一是仅研究了相关的功能基因, 并未深入分析细菌分泌系统的作用机理和致病过程, 以及细菌Ⅲ型与Ⅱ型分泌系统之间的相互关系; 二是西瓜嗜酸菌的种内遗传多样性十分复杂, 2 个亚组间在致病性、定殖能力及为害症状等方面存在显著的差异, 其基因组在基因序列及基因表达的差异也都体现出了该病原菌致病机制的复杂性, 随着对该病原菌分子生物学研究的不断深入, 需要进一步研究相关分泌系统所分泌效应蛋白的功能, 同时根据效应蛋白在功能上的协同性和交叉性, 需要进一步研究其分泌系统与寄主适应性的关系; 三是西瓜嗜酸菌中, 除了Ⅲ型分泌系统和Ⅱ型分泌系统与西瓜嗜酸菌的致病性密切相关外, 还有其它一些因素, 如其它分泌系统与西瓜嗜酸菌的致病性关系如何, 均需进行系统研究。

参考文献

- [1] Schaad N W, Postnikova E, Sechler A, et al. Reclassification of subspecies of *Acidovorax avenae* as *A. avenae* (Manns 1905) emend., *A. cattleyae* (Pavarino, 1911) comb. nov., *A. citrulli* (Schaad et al., 1978) comb. nov., and proposal of *A. oryzae* sp. nov. [J]. Systematic and Applied Microbiology, 2008, 31: 434-446.
- [2] 张荣意, 谭志琼, 文衍堂, 等. 西瓜细菌性果斑病症状描述和病原菌鉴定 [J]. 热带作物学报, 1998(1): 70-76.
- [3] 赵廷昌, 孙福在, 王兵万, 等. 哈密瓜果斑病原菌鉴定 [J]. 植物病理学报, 2001, 31(4): 357-364.
- [4] 金岩, 张俊杰, 吴燕华, 等. 西瓜细菌性果斑病的发生与病原菌鉴定 [J]. 吉林农业大学学报, 2004, 26(3): 263-266.
- [5] 赵廷昌, 赵洪海, 王怀松. 山东省西瓜、甜瓜发生瓜类细菌性果斑病 [J]. 植物保护, 2009, 35(5): 170-171.
- [6] Yan S, Yang Y, Wang T, et al. Genetic diversity analysis of *Acidovorax citrulli* in China [J]. European Journal of Plant Pathology, 2013, 136(1): 171-181.
- [7] Andersen C. Channel-tunnels; outer membrane components of type I secretion systems and multidrug efflux pumps of Gram-negative bacteria [M]. Reviews of physiology, biochemistry and pharmacology, Springer Berlin Heidelberg, 2003: 122-165.

- [8] Hueck C J. Type III protein secretion systems in bacterial pathogens of animals and plants[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 1998, 62(2): 379-433.
- [9] Christie P J, Vogel J P. Bacterial type IV secretion; conjugation systems adapted to deliver effector molecules to host cells[J]. Trends in Microbiology, 2000, 8(8): 354-360.
- [10] Christie P J, Atmakuri K, Krishnamoorthy V, et al. Biogenesis, architecture, and function of bacterial type IV secretion systems[J]. Annual Review of Microbiology, 2005, 59: 451-485.
- [11] Pukatzki S, McAuley S B, Miyata S T. The type VI secretion system; translocation of effectors and effector-domains[J]. Current Opinion in Microbiology, 2009, 12(1): 11-17.
- [12] Douzi B, Filloux A, Voulhoux R. On the path to uncover the bacterial type II secretion system[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 2012, 367(1592): 1059-1072.
- [13] Cianciotto N P. Type II secretion; a protein secretion system for all seasons[J]. Trends in Microbiology, 2005, 13(12): 581-588.
- [14] Mickaël Desvaux, Michel Hébraud, Régine Talon, et al. Secretion and subcellular localizations of bacterial proteins; a semantic awareness issue[J]. Cell, 2009, 17(4): 139-154.
- [15] Wang W M, Pan L. Advances in bacterial type III secretion system[J]. Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2006, 38(6): 58-60.
- [16] Bronstein P A, Miao E A, Miller S I. InvBIs a Type III Secretion Chapterone Specific for SspA [J]. Journal of bacteriology, 2000, 182(23): 6638-6644.
- [17] Cornelis G R, Van Gijsegem F. Assembly and function of type III secretory systems[J]. Annual Reviews in Microbiology, 2000, 54(1): 735-774.
- [18] He S Y. Type III protein secretion systems in plant and animal pathogenic bacteria[J]. Annual Review of Phytopathology, 1998, 36(1): 363-392.
- [19] Alfano J R, Collmer A. Type III secretion system effector proteins; double agents in bacterial disease and plant defense[J]. Annual Review of Phytopathology, 2004, 42: 385-414.
- [20] Alfano J R, Collmer A. The type III (*Hrp*) secretion pathway of plant pathogenic bacteria; trafficking harpins, Avr proteins, and death[J]. Journal of Bacteriology, 1997, 179(18): 5655.
- [21] Buttner D, Bonas U. Getting across-bacterial type III effector proteins on their way to the plant cell[J]. The Embo Journal, 2002, 21: 5313-5322.
- [22] Bogdanove A, Beer S V, Bonas U, et al. Unified nomenclature for broadly conserved *hrp* genes of phytopathogenic bacteria [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 1996, 20: 681-683.
- [23] Shrestha R K, Rosenberg T, Makarovskiy D, et al. Phenotypic Variation in the Plant Pathogenic Bacterium *Acidovorax citrulli* [J]. PloS One, 2013, 8(9): e73189.
- [24] Johnson K L. Elucidation of the host-pathogen interactions that influence seed-to-seedling transmission of *Acidovorax citrulli* [D]. PhD Dissertation. Athens, GA: The University of Georgia, 2010.
- [25] 任争光, 侯磊, 宋治国, 等. 甜瓜细菌性果斑病菌致病性突变体筛选与 *hrcR* 基因的克隆[J]. 植物病理学报, 2009, 39(5): 501-506.
- [26] 汪新, 王卫, 钱国良, 等. 瓜类细菌性果斑病菌过敏性反应和致病性 (*hrp*) 基因簇部分基因的克隆及功能分析[J]. 农业生物技术学报, 2011, 19(1): 36-44.
- [27] 高杜娟, 韩振华, 王敏杰, 等. 瓜类细菌性果斑病菌 *hpaP* 基因的功能分析[J]. 农业生物技术学报, 2011, 19(4): 746-752.
- [28] Liu J, Luo S Z, Zhang Q, et al. Tn5 transposon mutagenesis in *Acidovorax citrulli* for identification of genes required for pathogenicity on cucumber[J]. Plant Pathology, 2012, 61(2): 364-374.
- [29] Walcott R R, Gitaitis R D, Castro A C. Role of blossoms in watermelon seed infestation by *Acidovorax avenae* subsp. *citrulli citrulli* [J]. Phytopathology, 2003, 93: 528-534.
- [30] 严婉荣, 赵廷昌, 肖彤斌, 等. 生防细菌在植物病害防治中的应用[J]. 基因组学与应用生物学, 2013(4): 533-539.
- [31] Pukatzki S, Ma A T, Sturtevant Turtevant D, et al. Identification of a conserved bacterial protein secretion system in *Vibrio cholerae* using the *Dictyostelium* host model system[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2006, 103(5): 1528-1533.
- [32] Cianciotto N P. Type II secretion; a protein secretion system for all seasons[J]. Trends in Microbiology, 2005, 13(12): 581-588.
- [33] Genin S, Boucher C. Lessons learned from the genome analysis of *Ralstonia solanacearum* [J]. Annual Review of Phytopathology, 2004, 42: 107-134.
- [34] Genin S. *Ralstonia solanacearum*: Secrets of a major pathogen unveiled by analysis of its genome[J]. Molecular Plant Pathology, 2002(3): 111-118.
- [35] Hikichi Y, Yoshimochi T, Tsujimoto S, et al. Global regulation of pathogenicity mechanism of *Ralstonia solanacearum* [J]. Plant Biotechnology Journal, 2007, 24(1): 149-154.
- [36] Yamazaki A, Hirata H, Tsuyumu S. *HrpG* regulates type II secretory proteins in *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri* [J]. Journal of General Plant Pathology, 2008, 74(2): 138-150.

Research Advances on Secretion Systems in *Acidovorax citrulli*

AN Xin^{1,2}, WANG Tie-lin², YANG Yu-wen², TANG Shuang-shuang¹, LIU Zhi-heng¹, ZHAO Ting-chang²

(1. Plant Protection Institute, Shenyang Agricultural University, Shenyang, Liaoning 110161; 2. Plant Protection Institute, Chinese Academy of Agricultural Science, Beijing 100193)

Abstract: Most plant pathogenic bacteria are Gram-negative. Bacterial secretion systems are closely associated with pathogenicity, and these researches have revealed the pathogenesis of plant pathogenic bacteria. The several secreted-related genes of *Acidovorax citrulli* (A. c.) in terms of bacterial secretion systems and relationships between T2SS and T3SS and the pathogenesis of A. c. were introduced in this paper. It's meaningful to find some theoretical evidences for further research of exploring pathogenic mechanism.

Key words: *Acidovorax citrulli*; T2SS; T3SS; function gene; pathogenicity