



综合栏目

图片新闻

新闻动态

学术快报

国际交流

陈学新教授团队在PLOS Genetics发文发现DNA病毒招募寄主整合酶整合基因组的新机制

编辑： 时间： 2021年09月10日 访问次数:703

2021年9月7日，国际知名遗传学期刊PLOS Genetics在线发表了浙江大学农业与生物技术学院陈学新教授团队的最新研究成果“Bracoviruses recruit host integrases for their integration into caterpillar’s genome”，揭示了多分DNA病毒基因组整合到寄主基因组中的新机制，研究结果深化了对DNA病毒感染寄主的机制认识，同时为害虫控制新技术的研发提供了新的理论依据。



一些动物DNA病毒，包括人类疱疹病毒6型（Human herpes virus 6, HHV-6）在感染寄主时，必须先将自身的基因组整合到寄主基因组中，继而才能表达功能基因而发挥作用，但到目前为止，其整合机制并不清楚。

多DNA病毒（polydnavirus, PDV）是一类寄生蜂携带的DNA病毒，是寄生蜂寄生鳞翅目害虫时的寄生因子，调控鳞翅目寄主的生理和发育，从而保障幼蜂在寄主体内成功发育。PDV包含茧蜂病毒（bracovirus, BV）和姬蜂病毒（ichnovirus, IV）二类，分别为茧蜂和姬蜂所特有。成熟的PDV粒子包含有多个大小不一的环状双链DNA分子，在寄生蜂寄生时被注射到鳞翅目寄主体内。由于缺少复制和组装的基因元件，PDV不能在鳞翅目寄主体内复制，但是会将自身基因组整合到寄主基因组上，从而表达毒性基因或microRNA，成功控制寄主。但到目前为止，PDV整合到寄主基因组的机制尚不清楚。

团队基于对国际上重要蔬菜害虫—小菜蛾Plutella xylostella及其天敌昆虫—菜蛾盘绒茧蜂Cotesia vestalis的研究，发现菜蛾盘绒茧蜂携带的菜蛾盘绒茧蜂病毒（Cotesia vestalis Bracovirus, CvBV）含有30个大小不同的环状DNA分子，并明确了这30个环状DNA分子进入鳞翅目寄主后在不同组织的分布特征；发现30个环存在两种整合方式：固定断裂型（19个）和随机断裂型（11个）；发现所有固定断裂型的环在断口的上下游存在两段反向互补的序列，并首次证明该结构是病毒能否整合的关键。研究还发现，不同的CvBV环，其整合时具有一定的时间顺序，分早期、中期和后期，最早的环在寄生后30分钟就已经开始整合到鳞翅目寄主的基因组中。进一步的研究发现，不同CvBV环拥有不同的整合机制：有的DNA环依赖CvBV病毒自身携带的重组酶（recombinase）完成整合，而有的DNA环必须招募和依赖鳞翅目寄主体内的反转录病毒整合酶（retroviral integrase）完成整合。该研究首次揭示了多DNA病毒不仅需要自身编码的重组酶，而且需要招募鳞翅目寄主的反转录病毒整合酶才能将自身基因组整合到寄主基因组中的新机制。研究结果不仅深化了寄生蜂调控寄生的认识，而且对于某些DNA病毒如何整合到人类基因组中及其相关疾病的治疗也有启示作用。

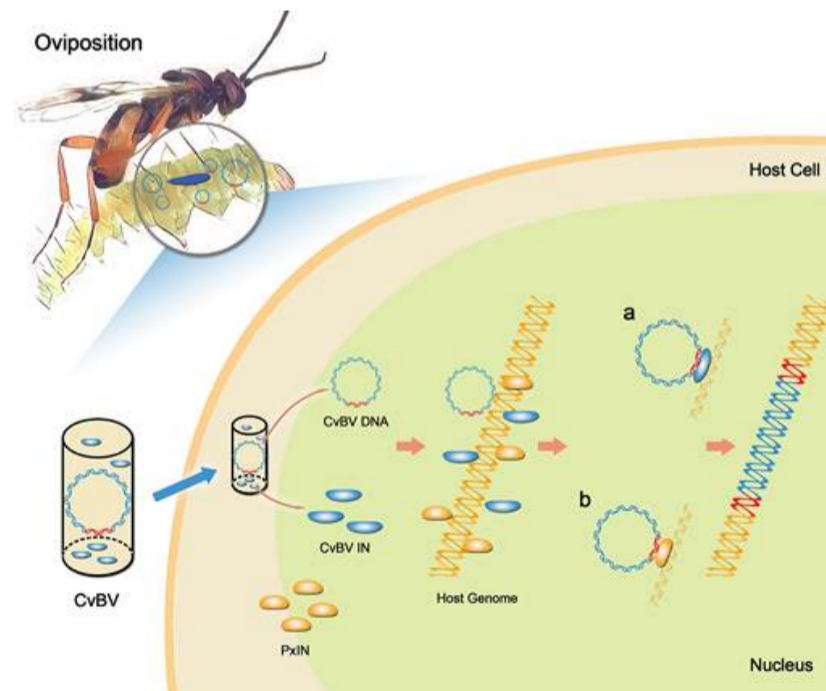


图1. 多分DNA病毒基因组整合到寄主基因组的模式图

近年来，陈学新教授团队在寄生蜂调控害虫机制方面取得了一系列突破性的研究成果。此项寄生蜂PDV病毒整合机制的研究，亦是该团队继寄生蜂调控寄主生长发育（Nature Communications, 2018）、调控寄主免疫（Nature Communications, 2021）、调控寄主营养代谢（PLOS Pathogens, 2021）等工作后，又一重要发现和突破。

陈学新教授团队的王泽华博士后为论文第一作者，时敏副教授为论文通讯作者。法国国家科学研究中心及法国图尔大学昆虫生物学研究所的Elisabeth Huguet博士和Jean-Michel Drezen博士也参与了本论文的研究工作。该项研究得到了国家自然科学基金重点项目（31630060）、优青项目（31622048）、面上项目（31772522、31672079）和国家重点研发计划（2019YFD0300104和2017YFD0200400）等经费的支持。

论文链接：<https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1009751>

关于我们

联系我们

友情链接

旧版回顾

浙江大学

求是新闻网

其他

招聘

关注学院： 官方微信

分 享：



农业与生物技术学院
College of Agriculture & Biotechnology, ZJU

版权所有：浙江大学农业生物技术学院