



首页

学院概况

机构设置

教职员工

校友工作

招聘信息

招生信息

学院黄页

其他

- » 活动预告
- » 学院动态
- » 科研动态
- » 友情链接
- » 系所链接
- » 各实验室链接

当前位置：首页 | 其他 | 科研动态

微生物所方卫国教授实验室PLOS Biology发文报告真菌致病新机制

时间：2021-08-06 访问次数:711

病原真菌在致病寄主的过程中，会碰到多种不同的微环境，当前人们对真菌微环境响应机制的认识较为肤浅。罗伯茨绿僵菌是研究真菌感染昆虫的一个模式，它在致病昆虫的过程中，需要先后适应两个迥异的微环境：昆虫体壁和昆虫的血腔。在昆虫体壁上，该真菌穿透寄主体壁的机制与一些重要的植物病原真菌（如稻瘟病菌）的致病机制类似，而在昆虫血腔中，它抵御寄主免疫的机制与人类病原真菌的类似。因此，研究罗伯茨绿僵菌的致病机制不但能加深对真菌致病昆虫过程的认识，而且能为人类和植物病原真菌的相关研究提供借鉴。

近期，[方卫国](#)教授课题组发现了调控罗伯茨绿僵菌响应昆虫体壁和血腔两个微环境的新调控通路。该调控通路有4个组分：Histone 3乙酰基转移酶HAT1，Histone 3去乙酰基酶HDAC1，转录因子COH2，以及与COH2互作的调控蛋白COH1。在昆虫体壁上，COH2诱导体壁水解酶的表达，在昆虫体壁上打开通道，让真菌进入血腔。在昆虫血腔中，HAT1基因表达下调，降低了HDAC1基因启动子区域H3K4的乙酰化水平，使HDAC1的表达水平下降，进而使得HDAC1的靶标COH1基因启动子区域H3K56位点的乙酰化水平上升，最终导致COH1的表达水平上升。COH1与COH2互作，提高了COH2蛋白的泛素化水平，使其更容易被蛋白酶体降解，这使得在昆虫血腔中昆虫体壁降解酶的表达被关闭，并解除了对destruxin合成基因等昆虫血腔定殖相关基因的抑制。该研究加深了对真菌致病昆虫过程的认识，所发现调控通路上的4个组分在其它昆虫病原真菌和人类病原真菌中均存在，表明其它病原真菌可能也用类似的机制适应在各种寄主中遭遇的微环境。

PLOS BIOLOGY

OPEN ACCESS PEER-REVIEWED

RESEARCH ARTICLE

A novel cascade allows *Metarhizium robertsii* to distinguish cuticle and hemocoel microenvironments during infection of insects

Xing Zhang, Yamin Meng, Yizhou Huang, Dan Zhang, Weiguo Fang

Published: August 4, 2021 • <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001360>

2021年08月04日，上述研究成果以“A novel cascade allows *Metarhizium robertsii* to distinguish cuticle and hemocoel microenvironments during infection of insects”为题发表在期刊PLOS Biology 上。张幸博士是第一作者，[方卫国](#)教授为通讯作者，浙江大学生命科学学院为论文第一作者单位。

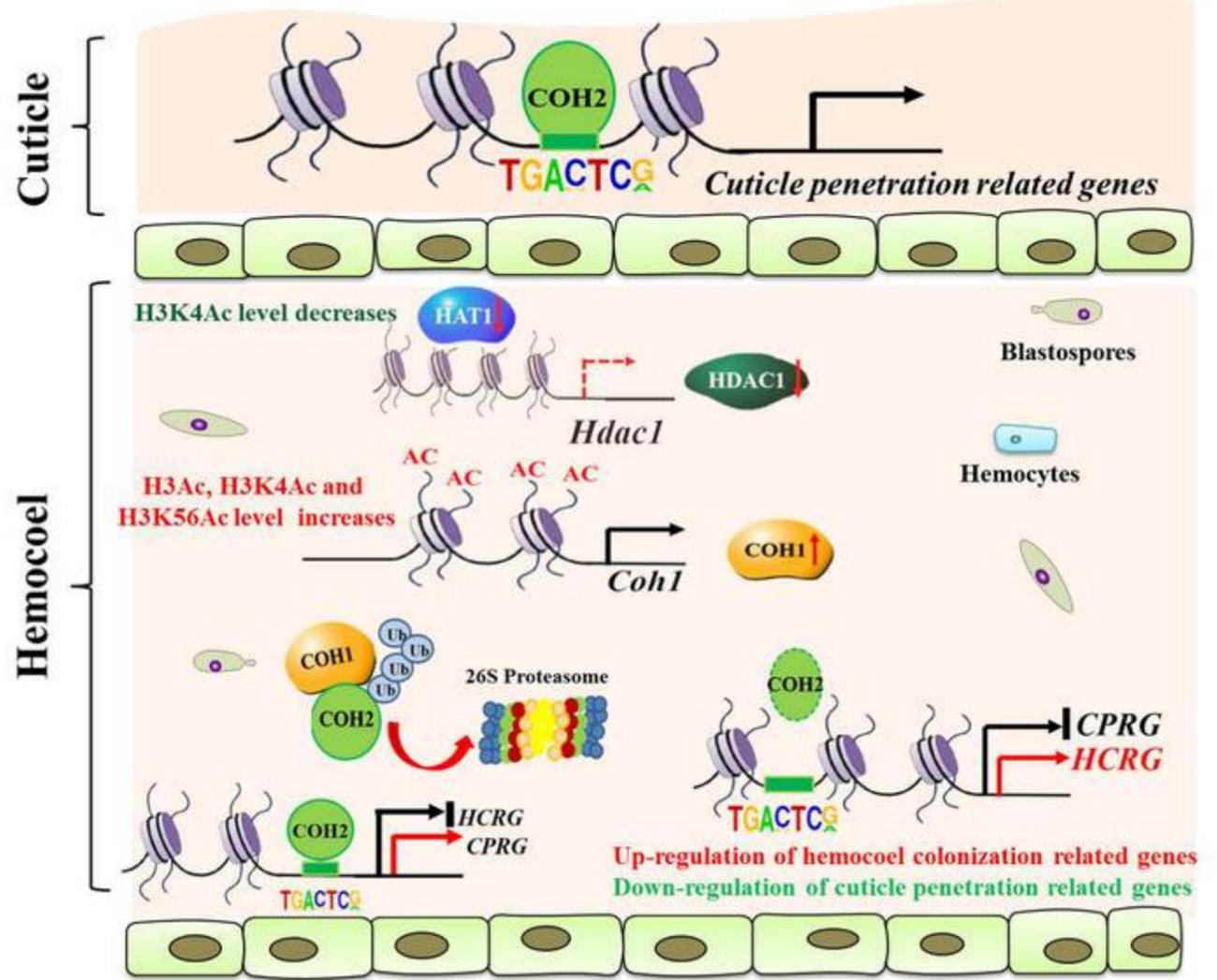


图1: 调控通路作用模式图

全文链接: <https://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.3001360>

上一篇

下一篇