



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。——中国科学院办院方针



搜索

首页 > 科技动态

研究人员发现家蚕黑胸病分子机制

文章来源: 中国科学报 温才妃 郑劲松 发布时间: 2016-04-05 【字号: 小 中 大】

我要分享

黑胸败血病是养蚕业重大病害, 在高温多湿条件下易发, 每年都会给蚕农造成不小的损失。围绕该问题, 西南大学家蚕基因组学国家重点实验室主任夏庆友团队阐明了家蚕黑胸败血芽孢杆菌致病的分子机制。日前, 《科学公共图书馆一病原体》在线发表了该论文。

该研究详述了革兰氏阳性细菌—黑胸败血芽孢杆菌分泌的致病毒素与宿主GRK2相作用, 调控其所介导的GPCR受体的脱敏作用, 进而影响下游第二信使信号转导途径, 导致宿主死亡的新机制。这是病原微生物与鳞翅目昆虫相互作用的一种新模式。

该研究团队利用家蚕—黑胸败血芽孢杆菌作为模式研究宿主—病原相互作用, 不但完成了黑胸败血芽孢杆菌全基因组图谱, 揭示了宿主全基因组水平的免疫应答特征, 而且重点围绕毒素蛋白及其与受体蛋白相互作用机制开展工作, 奠定了本研究取得突破的基础。

研究还发现, 家蚕黑胸败血芽孢杆菌产生的这种毒素, 在害虫防治方面也有重要价值。该小组评估了新发现毒素对棉铃虫的作用, 发现无论是普通的棉铃虫, 还是具有Bt抗性的棉铃虫, 新的毒素都能很好杀灭。

(责任编辑: 侯茜)

热点新闻

“一带一路”国际科学组织联盟...

- 中科院8人获2018年度何梁何利奖
- 中科院党组学习贯彻习近平总书记致“一...
- 中科院A类先导专项“深海/深渊智能技术...
- 中科院与多家国外科研机构、大学及国际...
- 联合国全球卫星导航系统国际委员会第十...

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【东方卫视】不负时代使命 上海全力加快推进科创中心建设

专题推荐

