

浙江省科学技术奖公示信息表（单位提名）

提名奖项：（自然科学奖）

成果名称	重要人畜共患胞内病原菌的环境适应及其与宿主互作机制
提名等级	二等奖
提名书 相关内容	代表性论文专著目录： 1. Cheng C, Han X, Xu J, Sun J, Li K, Han Y, Chen M, Song H. YjbH mediates the oxidative stress response and infection by regulating SpxA1 and the phosphoenolpyruvate-carbohydrate phosphotransferase system (PTS) in <i>Listeria monocytogenes</i>. <i>Gut Microbes</i>. 2021, 13(1):1-19. 2. Sun J, Hang Y, Han Y, Zhang X, Gan L, Cai C, Chen Z, Yang Y, Song Q, Shao C, Yang Y, Zhou Y, Wang X, Cheng C, Song H. Deletion of glutaredoxin promotes oxidative tolerance and intracellular infection in <i>Listeria monocytogenes</i>. <i>Virulence</i>. 2019, 10(1):910-924. 3. Zhao H, Chen J, Fang C, Xia Y, Cheng C, Jiang L, Fang W. Deciphering the biodiversity of <i>Listeria monocytogenes</i> lineage III strains by polyphasic approaches. <i>J Microbiol</i>. 2011 Oct;49(5):759-67. 4. Cheng C, Chen J, Fang C, Xia Y, Shan Y, Liu Y, Wen G, Song H, Fang W. <i>Listeria monocytogenes</i> <i>aguA1</i>, but not <i>aguA2</i>, encodes a functional agmatine deiminase: biochemical characterization of its catalytic properties and roles in acid tolerance. <i>J Biol Chem</i>. 2013, 288(37):26606-15. 5. Fang C, Cao T, Shan Y, Xia Y, Xin Y, Cheng C, Song H, Bowman J, Li X, Zhou X, Fang W. Comparative genomic analysis reveals that the 20K and 38K prophages in <i>Listeria monocytogenes</i> serovar 4a strains Lm850658 and M7 contribute to genetic diversity but not to virulence. <i>J Microbiol Biotechnol</i>. 2016, 26(1):197-206. 6. Yang Y, Wang H, Kouadir M, Song H, Shi F. Recent advances in the mechanisms of NLRP3 inflammasome activation and its inhibitors. <i>Cell Death Dis</i>. 2019, 10(2):128. 7. Yang Y, Xu P, He P, Shi F, Tang Y, Guan C, Zeng H, Zhou Y, Song Q, Zhou B, Jiang S, Shao C, Sun J, Yang Y, Wang X, Song H. Mycobacterial PPE13 activates inflammasome by interacting with the NATCH and LRR domains of NLRP3. <i>FASEB J</i>. 2020, 34(9):12820-12833. 8. Shi Y, Wang H, Zheng M, Xu W, Yang Y, Shi F. Ginsenoside Rg3 suppresses the NLRP3 inflammasome activation through inhibition of its assembly. <i>FASEB J</i>. 2020, 34(1):208-221.

主要完成人	宋厚辉，排名 1，教授，浙江农林大学； 程昌勇，排名 2，教授，浙江农林大学； 杨 杨，排名 3，副教授，浙江农林大学； 方维焕，排名 4，教授，浙江大学； 师福山，排名 5，教授，浙江大学。
主要完成单位	1. 浙江农林大学 2. 浙江大学
提名单位	浙江省教育厅
提名意见	本成果“重要人畜共患胞内病原菌的环境适应及其与宿主互作机制”面向国家重大动物疫病监测和公共卫生安全防控战略需求，由浙江农林大学联合浙江大学等研究团队，针对单增李斯特菌和结核分枝杆菌这两种重要人畜共患胞内病原菌的宿主免疫逃逸路径和机制不明、单增李斯特菌遗传演化及其环境适应机制不清等关键科学问题，开展了系统研究。本创新成果：1. 首次解析了单增李斯特菌流行特征、内化素基因簇分子遗传演化及其与细菌致病性的关联；2. 阐明了李斯特菌环境适应与致病性调控的双重机制，揭示了硫氧还蛋白家族动态调控毒力基因表达，实现细菌在宿主体内外毒力切换的分子基础；明确了精氨酸代谢关键酶发挥细菌抗酸应激的作用机理；3. 揭示了病原菌劫持宿主先天免疫通路的共性逃逸策略，发现李斯特菌 LLO 等毒力因子激活 MAPK ERK1/2 信号通路磷酸化的关键氨基酸位点、结核分枝杆菌 PPE13 蛋白直接激活 NLRP3 炎性体的共性免疫逃逸策略；创新性发现人参皂苷 Rg3 靶向抑制 NLRP3 炎性体组装，为其用于治疗 NLRP3 炎性小体介导的相关疾病提供了科学依据。本成果发表在 <i>Gut Microbes</i> 等权威学术期刊，引用 5100 余次；累计承担国家重点研发计划项目、国家自然科学基金等各类科研项目 20 余项。本成果通过解析重要人畜共患病原菌“传播-适应-致病”全程机制，为人畜共患病的生物安全防控提供了理论创新，对维护公共卫生安全具有重要意义。