

云南省自然科学奖项目公示

一、项目基本情况

1. 项目名称：云南日本血吸虫遗传多样性及与宿主互作的分子机制研究
2. 主要完成人：邹丰才(云南农业大学)、朱兴全(中国农业科学院兰州兽医研究所)、杨建发(云南农业大学)
3. 拟提名等级：拟提名该项目申报云南省自然科学奖三等奖。
4. 主要完成单位：云南农业大学、中国农业科学院兰州兽医研究所
5. 提名者：云南农业大学

二、项目简介

本项目在国家自然科学基金（30960280、31360607）、云南省面上基金（2007C206M）和“973”子课题（2007CB513104）资助下，历时十年，对云南日本血吸虫的遗传多样性及与宿主互作的分子机制开展了系统研究，取得如下创新性成果：

1. 在云南日本血吸虫流行病学调查基础上，首次发现新型的非叉型尾蚴，进而建立了动物感染模型，完成了两型尾蚴的生活史研究，揭示了同种日本血吸虫两型尾蚴的致病性差异，为丰富日本血吸虫的生活史提供了极有价值的补充。

2. 基于微卫星、核糖体、线粒体、主要组织相容性复合物、内含子序列、管家基因及抗原编码基因序列测定及分析，揭示了云南日本血吸虫的遗传多样性，阐明了云南日本血吸虫作为独特地理株的遗传变异和分子种群结构，为日本血吸虫的鉴定提供了有效的分子标记。

3. 基于两型尾蚴的致病性差异，采用转录组和蛋白组等技术，筛选出了非叉型尾蚴入侵宿主的关键基因 211 个和显著差异蛋白 1501 个。首次发现花生四烯酸代谢和 IgE/Fc ε RI 信号转导等在日本血吸虫感染宿主的免疫

反应过程中扮演着重要角色，揭示了其叉型尾蚴和非叉型尾蚴与宿主互作的分子机制，为日本血吸虫的靶向药物的筛选和分子疫苗的研制提供了理论基础。

研究成果发表学术论文 14 篇（他引 128 次），包括 SCI 收录 12 篇（总 IF 为 37.141，他引 122 次）和中文核心 2 篇。在 Biotechnology Advances (IF=9.599) 上系统综述了血吸虫病的诊断检测分子标记及不同地理株的遗传多样性。编写了包含本研究成果的国家规划教材 2 部。培养硕士研究生 5 名、博士研究生 2 名。主要完成人晋升教授 1 名、副教授 2 名，培养云南省高层次人才、中青年学术与技术带头人各 1 名，获批“云南省兽医公共卫生创新团队”建设。

三、主要完成人对项目的贡献情况

序号	合作方式	合作者	合作成果（代表性论文）
1	论文合著	邹丰才	是全部代表性论文作者之一，是其中第 2、8 篇论文通讯作者、第 6 篇论文并列通讯作者。
2	论文合著	朱兴全	是代表性论文第 1、3、4、5、6、7 篇通讯作者。
3	论文合著	杨建发	是代表性论文第 2 篇的并列通讯作者。

四、代表性论文专著（8 篇，附后）

五、项目曾获科技奖励情况

无

附：代表性论文专著（不超过 8 篇）

序号	论文专著名称	刊名	作者	年卷页码 (xx 年 xx 卷 xx 页)	发表时间 (年月 日)	通讯作者(含 共同)	第一作者(含 共同)	国内作 者	SCI 他引次 数	他引总 次数	影响因子	论文署名 单位是否 包含国外 单位	知识产权是 否归国内所 有
1	Biotechnological advances in the diagnosis, species differentiation and phylogenetic analysis of Schistosoma spp.	BIOTEC HNOLOGY ADVANCES	Guang-Hui Zhao; Juan Li; David Blair; Xiao-Yan Li; Hany M. Elsheikha; Rui-Qing Lin; Feng-Cai Zou; Xing-Quan Zhu	2012, 30(6): 1381-1389.	2012.02. 16	Xing-Quan Zhu	Guang-Hui Zhao; Juan Li	Guang-Hui Zhao; Juan Li; Xiao-Yan Li;; Rui-Qing Lin; Feng-Cai Zou; Xing-Quan Zhu	14	14	9.599 (2012)	否	是
2	Comparative Study of Transcriptome Profiles of Mouse Livers and Skins Infected by Fork-Tailed or Non-Fork-Tailed Schistosoma japonicum	FRONTIERS IN MICROBIOLOGY	Yan Yang; Jun-Jun He; Shuang Hu; Hua Chang; Xun Xiang; Jian-Fa Yang; Feng-Cai Zou	2017, 8: 1648.	2017.08. 15	Yang, JF (Yang, Jian-Fa); Zou, FC (Zou, Feng-Cai)	Yang, Y (Yang, Yan); He, JJ (He, Jun-Jun)	Yan Yang; Jun-Jun He; Shuang Hu; Hua Chang; Xun Xiang; Jian-Fa Yang; Feng-Cai Zou	0	0	4.019 (2017)	否	是
3	An effective sequence	ELECTROPHORE	Guang -	2010, 31(4): 641-647.	2009.11.1 3	Xing-Quan Zhu	Zhao, GH (Zhao,	Guang	7	7	3.569 (2010)	否	是

	characterized amplified region-PCR method derived from restriction site-amplified polymorphism for the identification of female <i>Schistosoma japonicum</i> of zoonotic significance	SIS	Hui Zhao; Juan Li; Rui - Qing Lin; Feng - Cai Zou; Wei Liu; Zi - Guo Yuan; Xi - Hao Mo; Hui - Qun Song; Ya - Biao Weng; Xing - Quan Zhu				Guang-Hui)	- Hui Zhao; Juan Li; Rui - Qing Lin; Feng - Cai Zou; Wei Liu; Zi - Guo Yuan; Xi - Hao Mo; Hui - Qun Song; Ya - Biao Weng; Xing - Quan Zhu					
4	An efficient retrotransposon-based electrophoretic technique for studying genetic variability among geographical isolates of <i>Schistosoma japonicum</i>	ELECTROPHORESIS	Li Juan; Zhao Guang-Hui ; Li Xiao-Yan; Chen Fen; Chen Jing-Bin; Zou Feng-Cai; Yang Jian-Fa; Lin	2011, 32(12): 1473-1479.	2011.03.04	Xing-Quan Zhu, Ya-Biao Weng	Li, J (Li, Juan); Zhao, GH (Zhao, Guang-Hui)	Li Juan; Zhao Guang-Hui; Li Xiao-Yan; Chen Fen; Chen Jing-Bin ; Zou Feng-Cai; Yang Jian-Fa;	2	2	3.303 (2011)	否	是

			Rui-Qing; Weng Ya-Biao; Zhu Xing-Quan					Lin Rui-Qin g; Weng Ya-Biao ; Zhu Xing-Q uan					
5	an effective molecular approach for studying genetic variability among <i>Schistosoma japonicum</i> isolates from different provinces in mainland China	INFECTION GENETICS AND EVOLUTION	G. H. Zhao , J. Li ,F. C. Zou , W. Liu ,X. H. Mo ,R. Q. Lin , Z. G. Yuan ,Y. B. Weng , H. Q. Song ,X. Q. Zhu	2009, 9(5): 903-907	2009.06. 17	Xing-Quan Zhu	Zhao, GH (Zhao, Guang-Hui)	G. H. Zhao , J. Li ,F. C. Zou , W. Liu ,X. H. Mo ,R. Q. Lin , Z. G. Yuan ,Y. B. Weng , H. Q. Song ,X. Q. Zhu	15	15	3.223 (2009)	否	是
6	A specific PCR assay for the identification and differentiation of <i>Schistosoma japonicum</i> geographical isolates in mainland China based on analysis of mitochondrial genome sequences	INFECTION GENETICS AND EVOLUTION	Guang-Hui Zhao, Juan Li , Hui-Qun Song, Xiao-Yan Li, Fen Chen , Rui-Qing Lin , Zi-Guo Yuan , Ya-Biao Weng , Min Hu,	2012, 12(5): 1027-1036.	2012.03. 13	Feng-Cai Zou, Xing-Quan Zhu	Zhao, GH (Zhao, Guang-Hui); Li, J (Li, Juan)	Guang-Hui Zhao, Juan Li , Hui-Qun Song, Xiao-Yan Li, Fen Chen , Rui-Qing Lin , Zi-Guo Yuan , Ya-Biao	16	16	2.768 (2012)	否	是

			Feng-Cai Zou , Xing-Quan Zhu					Weng , Min Hu, Feng-Ca i Zou , Xing-Q uan Zhu					
7	Genetic variability among Schistosoma japonicum isolates from different endemic regions in China revealed by sequences of three mitochondrial DNA genes	VETERINARY PARASITOLOGY	G.H. Zhao, X.H. Mo, F.C. Zou, J. Li , Y.B. Weng, R.Q. Lin, C.M. Xia, X.Q. Zhu	2009, 162(1-2): 67-74	2009.02. 17	Xing-Quan Zhu	G.H. Zhao	G.H. Zhao, X.H. Mo, F.C. Zou, J. Li , Y.B. Weng, R.Q. Lin, C.M. Xia, X.Q. Zhu	43	43	2.278 (2009)	否	是
8	日本血吸虫非叉型尾蚴感染动物试验	中国畜牧兽医	谢银杰、吴定宇、杨建发、孙绍美、孙秀涛、段纲、邹丰才	2011, 38(03): 226-227.	2011.03.20	邹丰才	谢银杰	谢银杰、 吴定宇、 杨建发、 孙绍美、 孙秀涛、 段纲、 邹丰才	5 (CNKI)	1.369 (CNKI 复合影响因子)	否	是	
合 计									97	102	/		