



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

# 苏云金芽胞杆菌杀虫蛋白Vip3A 序列分析以及改造

---

汇报人：杨荣

G10成员：韩现乐、杨荣、张孟彤、卜亚欧

时间：2026.01.11



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

## 一、背景介绍

## 二、研究内容

### 1、Vip3A蛋白序列信息分析

### 2、设计Vip3A结构域III突变位点

### 3、构建Vip3A蛋白突变体模型

## 三、总结与展望

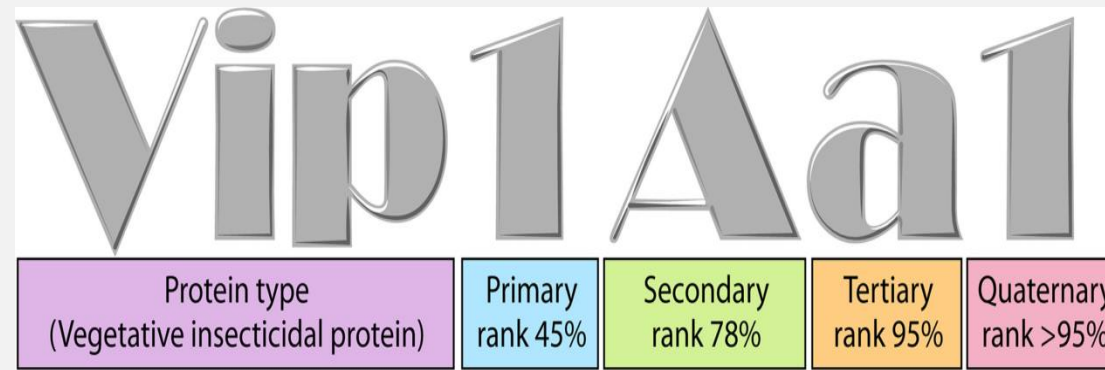


Part 1

背景

苏云金芽胞杆菌(*Bacillus thuringiensis*, Bt)是一种有效的生物杀虫剂，能杀死鳞翅目害虫，取代那些无差别攻击目标和非目标生物的化学农药。

Cry杀虫蛋白和Vip杀虫蛋白是Bt产生的两种主要的杀虫蛋白，本研究的Vip3A杀虫蛋白对草地贪夜蛾具有高活力。



Vip 蛋白的命名系统：该系统基于氨基酸序列一致性分为四个等级。一级、二级和三级等级分别区分序列一致性低于 45%、78% 和 95% 的蛋白；四级等级区分序列一致性达 95% 的蛋白，这类蛋白可视为同一基因的“等位基因”产物，也可能是不同菌株来源的相同序列蛋白。

Vip3Aa1 GenBank:AAC37036.1



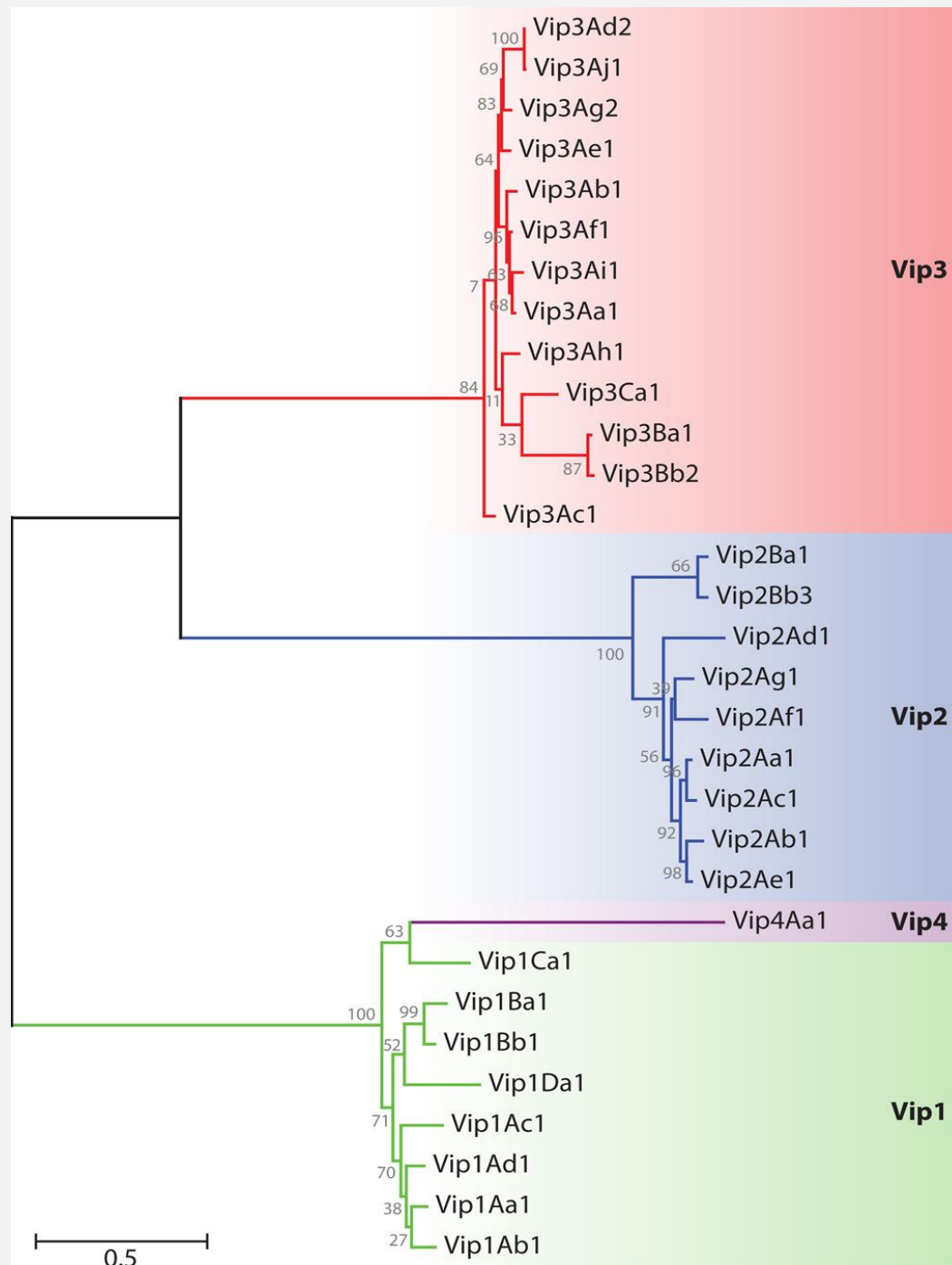
Part **2**

# 研究内容

- 2-1 Vip3A蛋白序列信息分析
- 2-2 设计Vip3A结构域III突变位点
- 2-3 构建Vip3A蛋白突变体模型

# Vip3A蛋白序列信息分析

通过最大似然法计算  
进化距离，利用  
MEGA12程序构建进  
化树



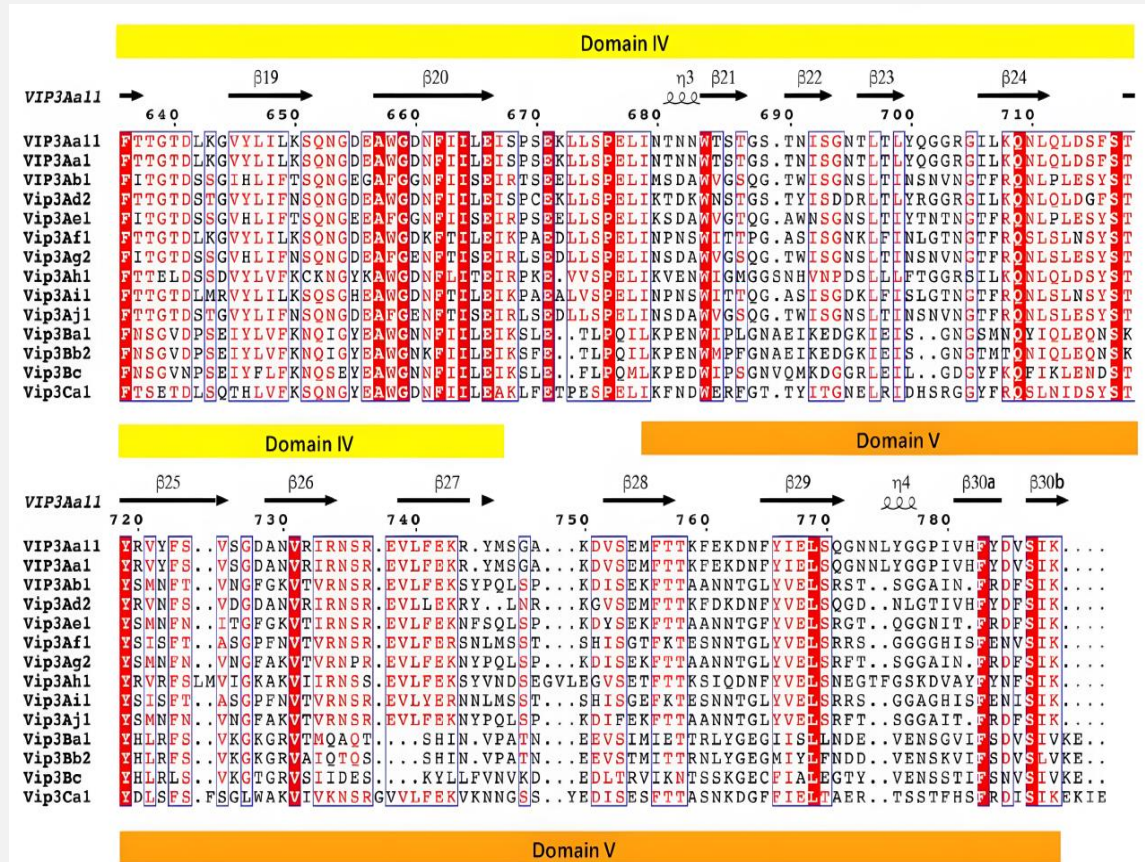
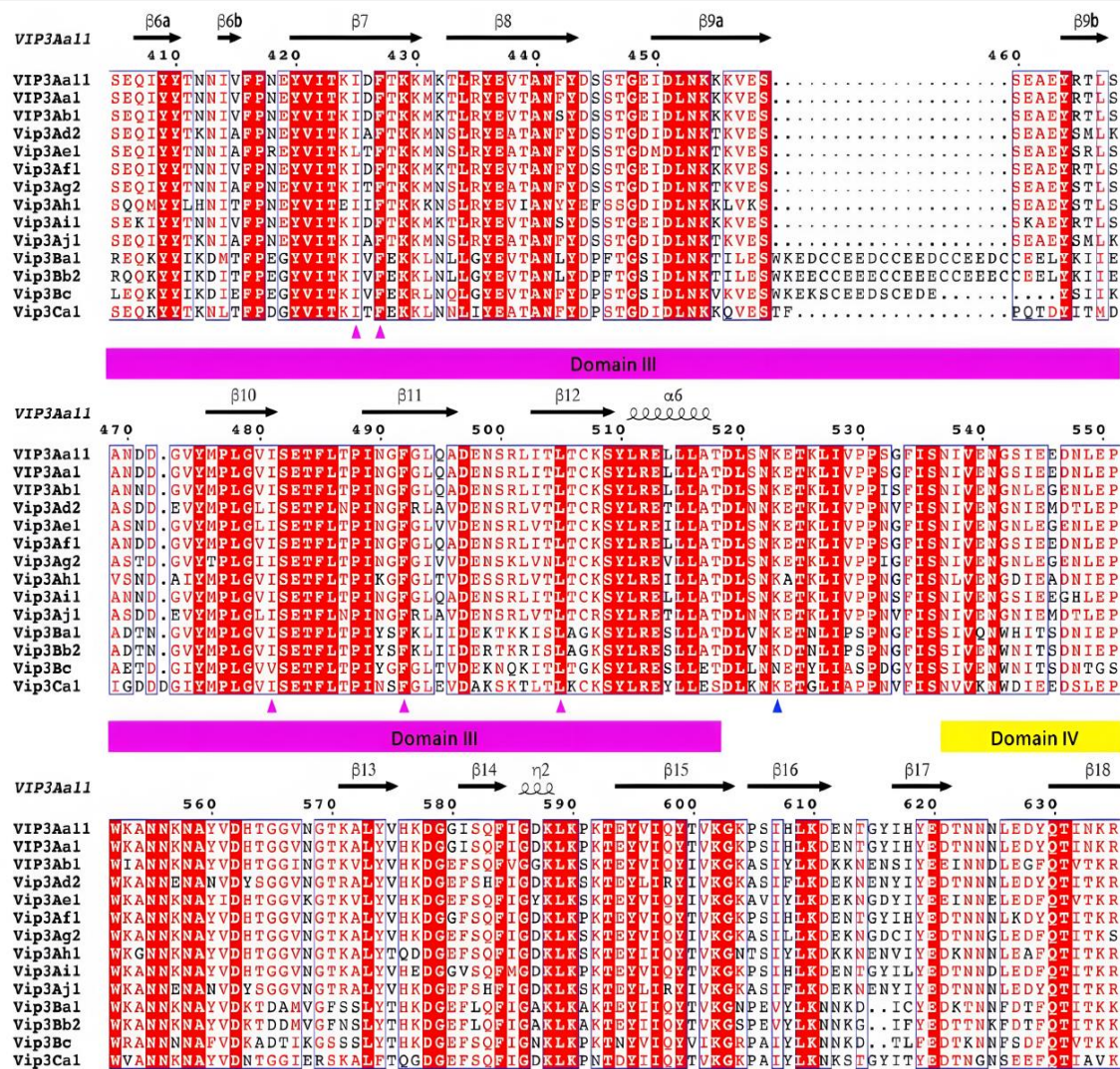


# Vip3家族序列比对



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES



Vip3的N端高度保守，而C端区域高度可变，这表明Vip3的N端可能在蛋白结构和杀虫活性中发挥重要作用，C端区域可能参与靶标特异性。

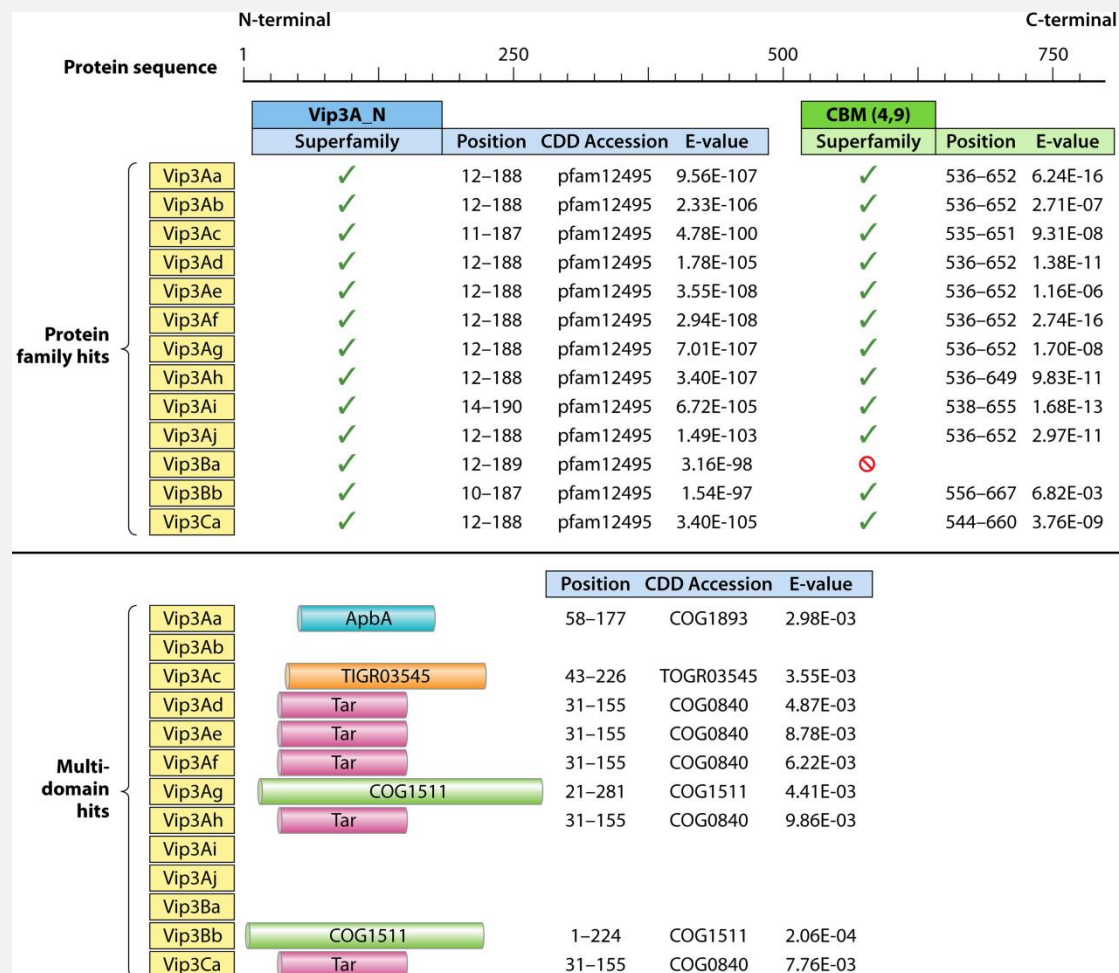
# 保守结构域CDD结果分析



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

CBM 表示碳水化合物结合基序; ApbA 表示酮戊二酸还原酶基序; Tar 表示甲基趋化蛋白基序; COG1511 表示功能未知的预测膜蛋白基序; TIGR03545 代表一个分布较广但罕见的未表征蛋白家族, 存在于 1%~2% 的细菌基因组中。



# 区域 I - V 各区域结构及功能



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

BPPRC网站查找相应杀虫蛋白序列，SWISS-MODEL网站构建Vip3A的3D结构。

Home

About Database Specificity Database BestMatchFinder Submit your sequence for naming Links FAQs Feedback Cart

## Welcome to the Bacterial Pesticidal Protein Database

About Us

Bacterial Pesticidal Proteins

— ABOUT US —

SWISS-MODEL

Modelling Repository Tools Documentation Log in Create Account

All Projects

Untitled Project Created: today at 09:56

Summary Templates 50 Models 1 Project Data

Template Results

Templates Quaternary Structure Sequence Similarity Alignment More

II Sort	Coverage	GMQE	QSQE	Identity	Method	Oligo State	Ligands
<input checked="" type="checkbox"/>	0.88	0.70	99.75	EM	homo-tetramer ✓	None	
<input checked="" type="checkbox"/>	0.87	0.70	99.75	EM	homo-tetramer ✓	None	
<input type="checkbox"/>	0.78	0.62	99.75	EM	homo-tetramer ✓	1 x MG <sup>2+</sup>	
<input type="checkbox"/>	0.87	-	99.24	AlphaFold v2	monomer ✓	None	
<input type="checkbox"/>	0.76	0.64	62.45	X-ray, 3.2Å	homo-tetramer ✓	None	

Build Models 1

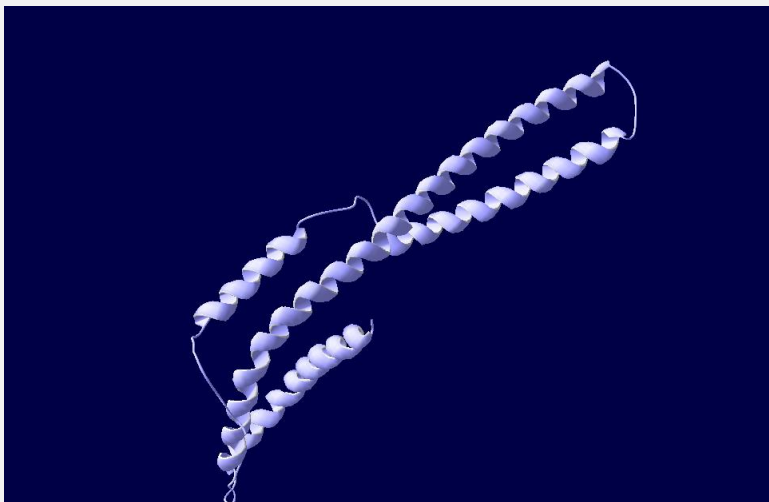
Clear Selection

# 区域 I - V 各区域结构及功能



中国农业科学院

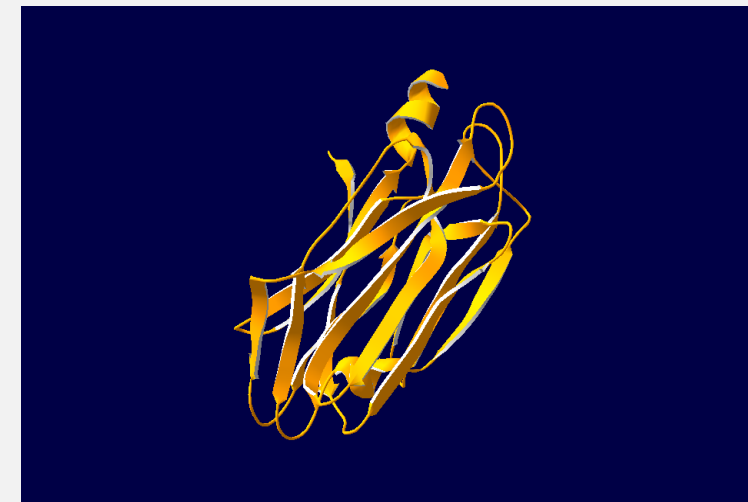
CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES



Domain I



Domain II



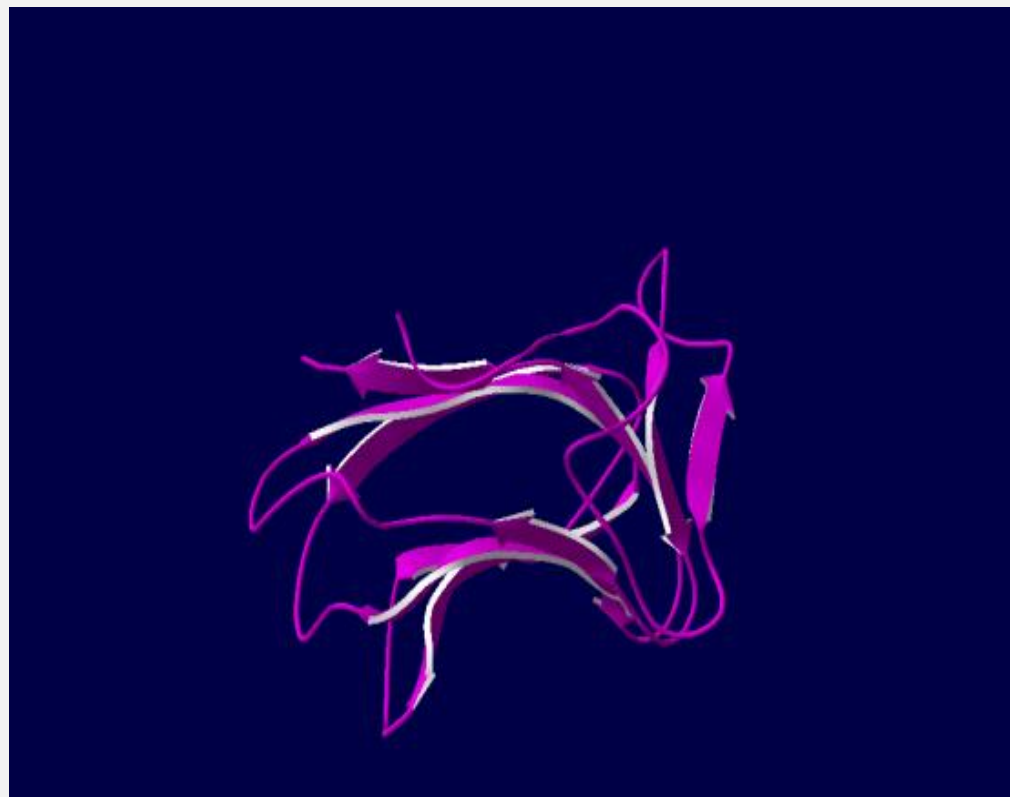
Domain III

# 区域 I - V 各区域结构及功能

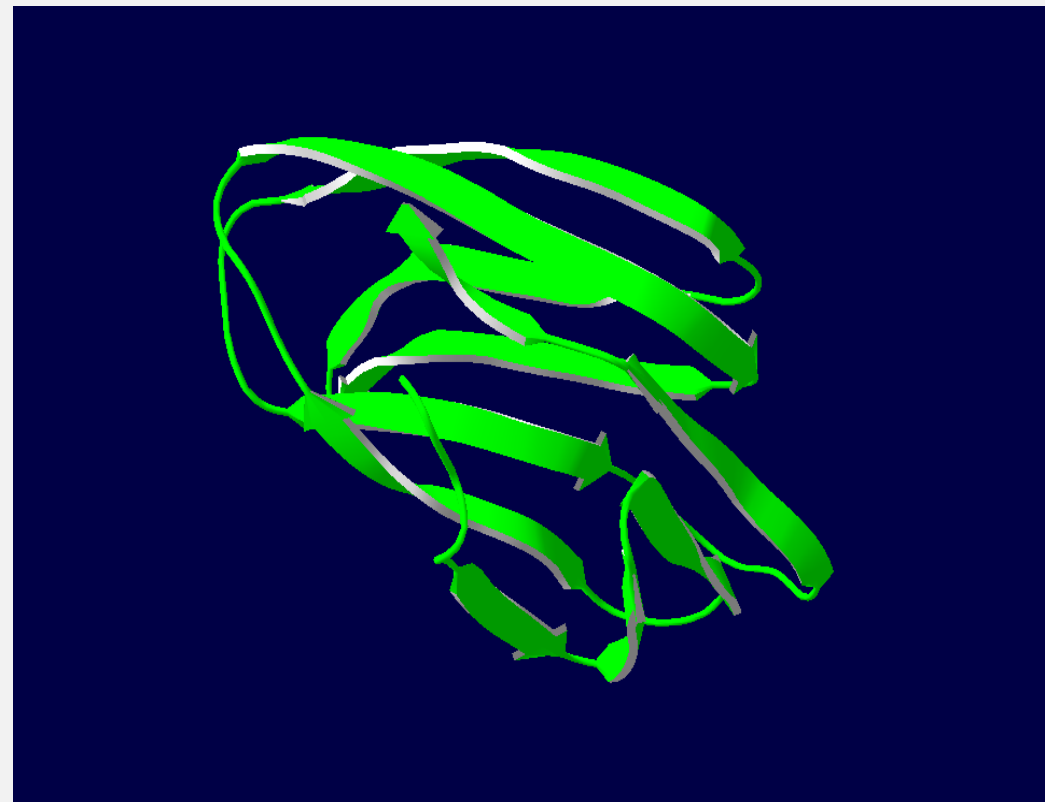


中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES



Domain IV



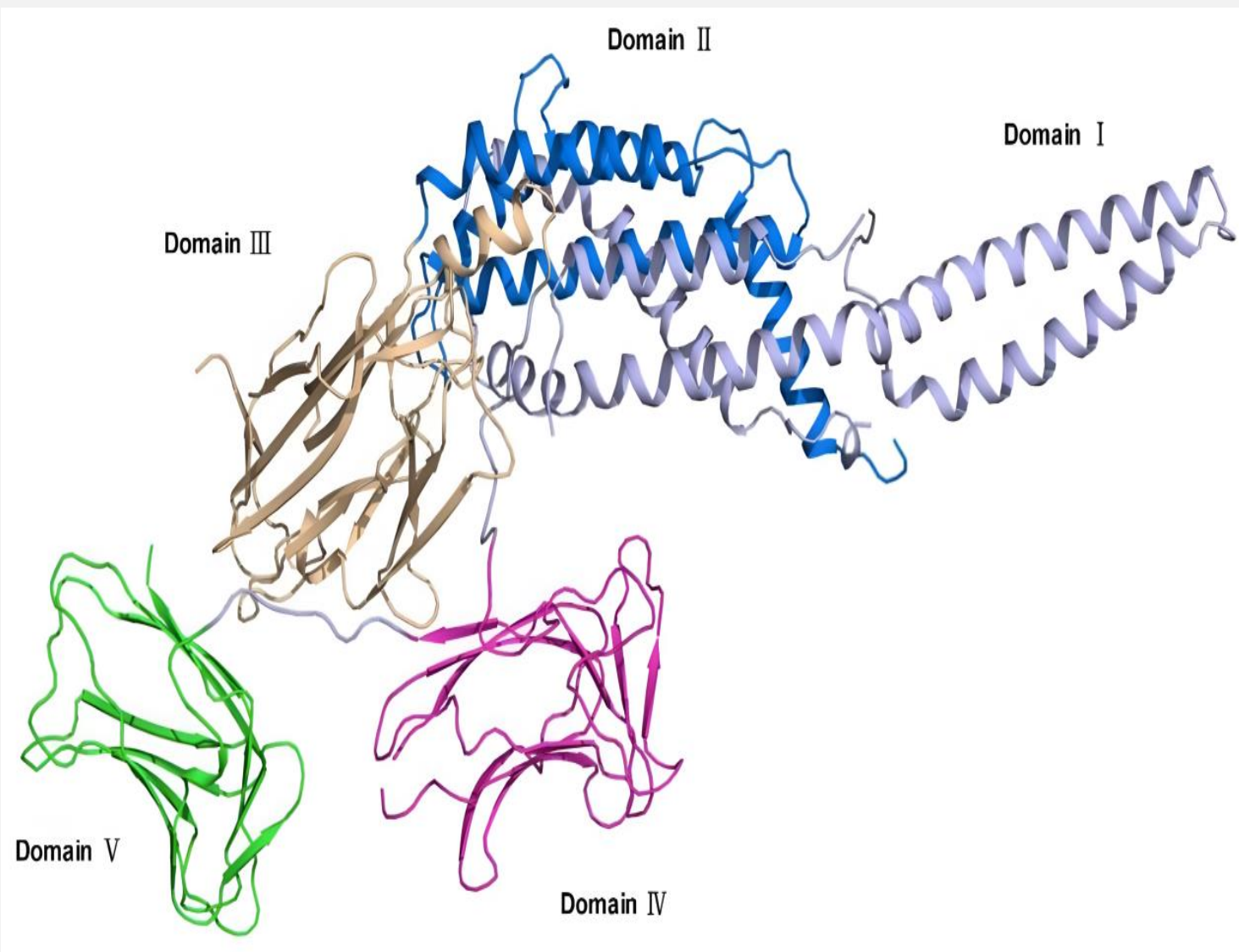
Domain V

# 区域 I - V 各区域结构及功能



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES



区域 I - V 各区域功能

区域 I 维持稳定与激活重排

区域 II 负责膜穿孔

区域 III 主导受体结合

区域 IV 和 V 通过糖结合辅助定位与扩展

共同完成“识别-结合-穿孔-杀虫”的全过程

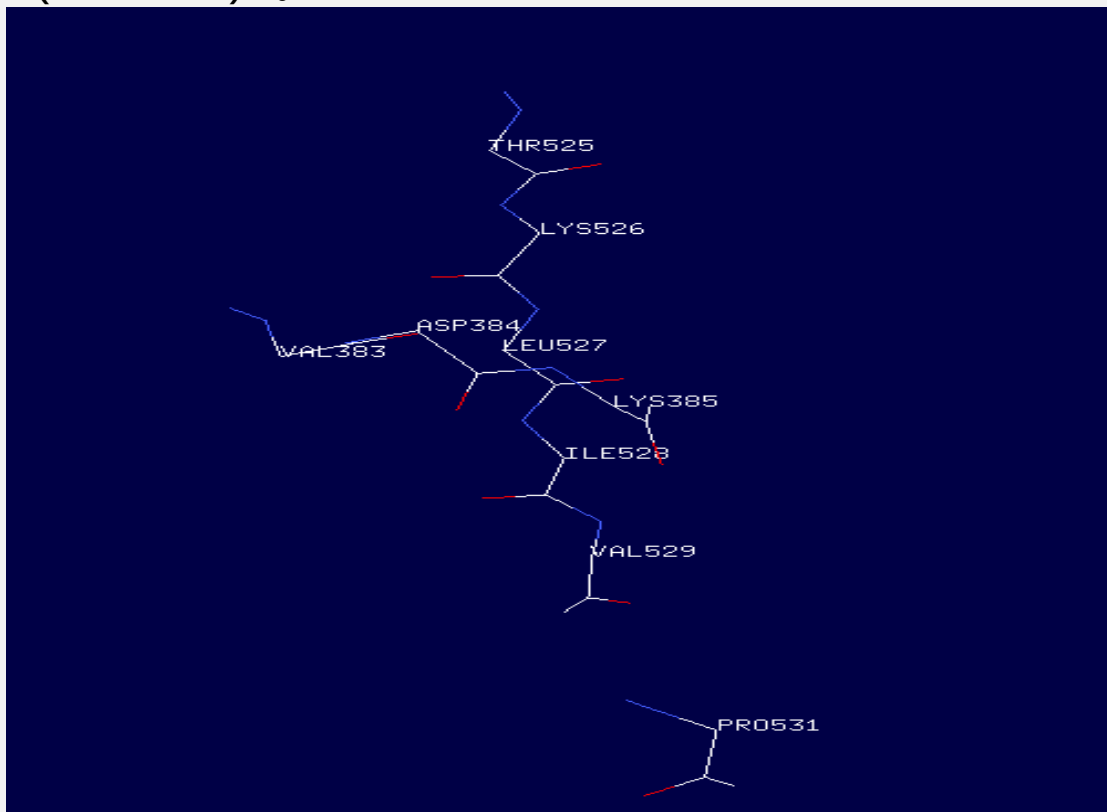
# Vip3Aa蛋白的结构域III的定点突变及功能筛选



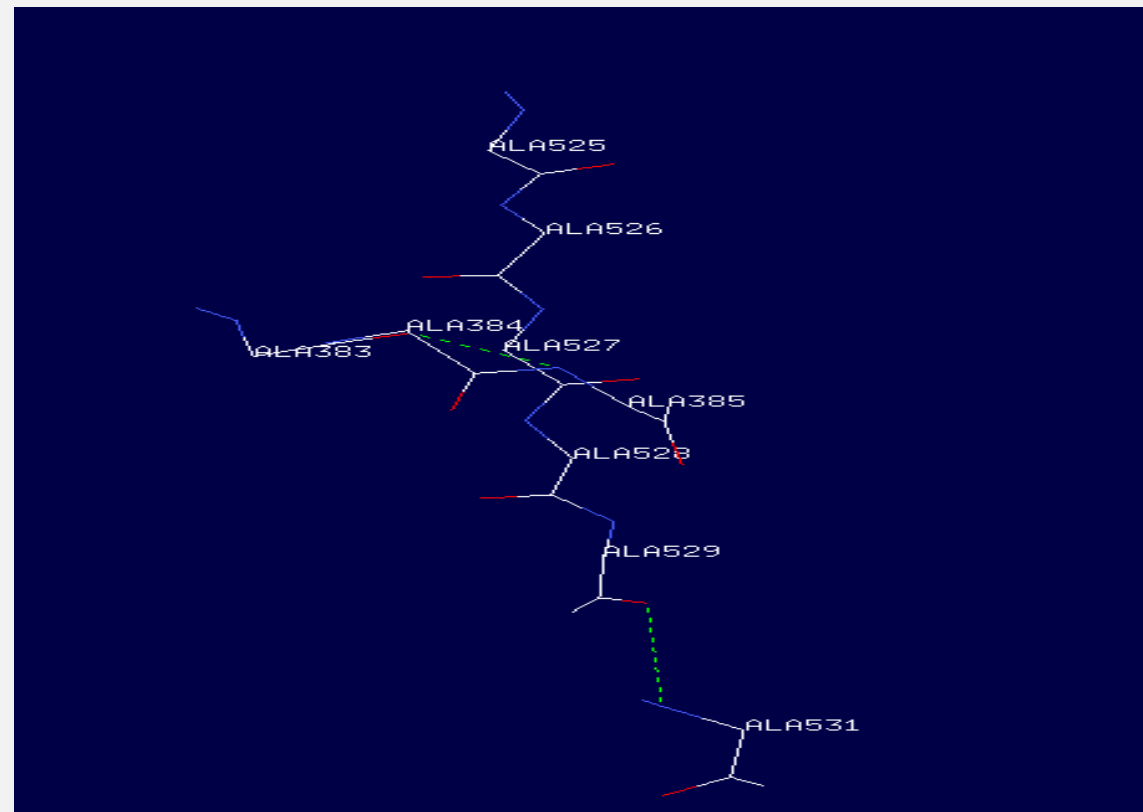
中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

实验设计：在Vip3Aa蛋白的结构域III中选择了9个与N端有相互作用的残基，分别将其突变为丙氨酸 (Alanine)。



突变前



突变处理后

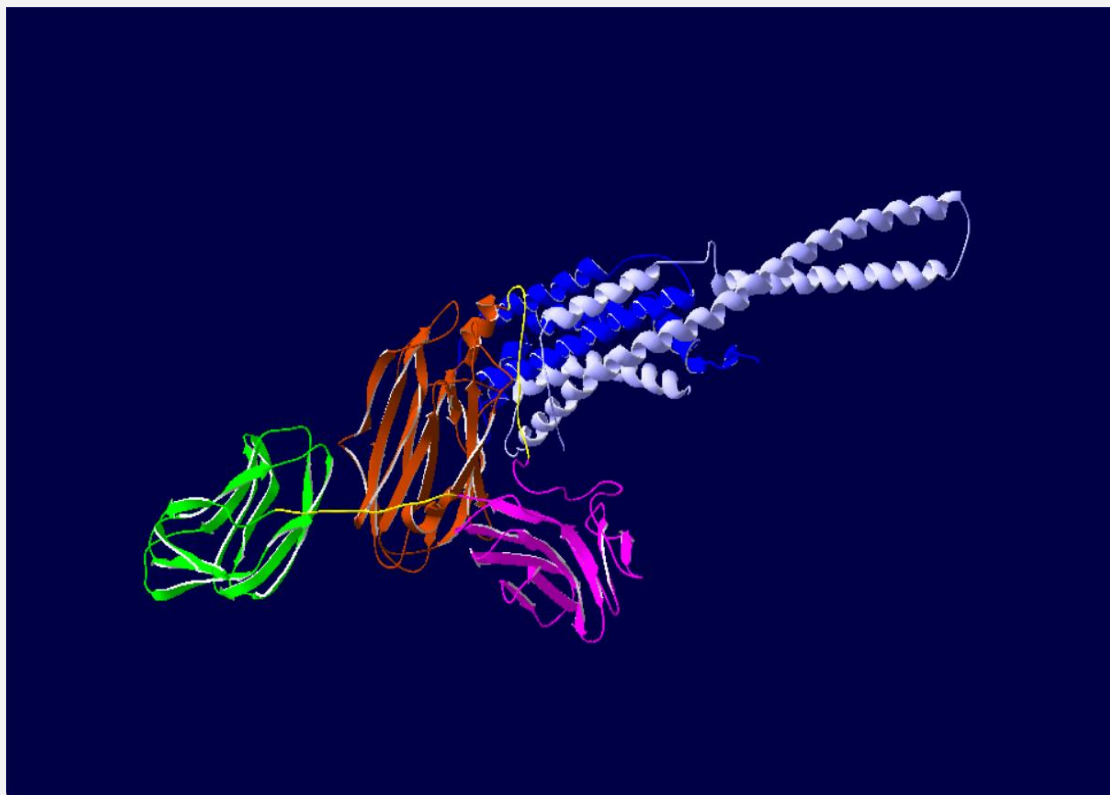
# Vip3Aa蛋白的结构域III的定点突变及功能筛选



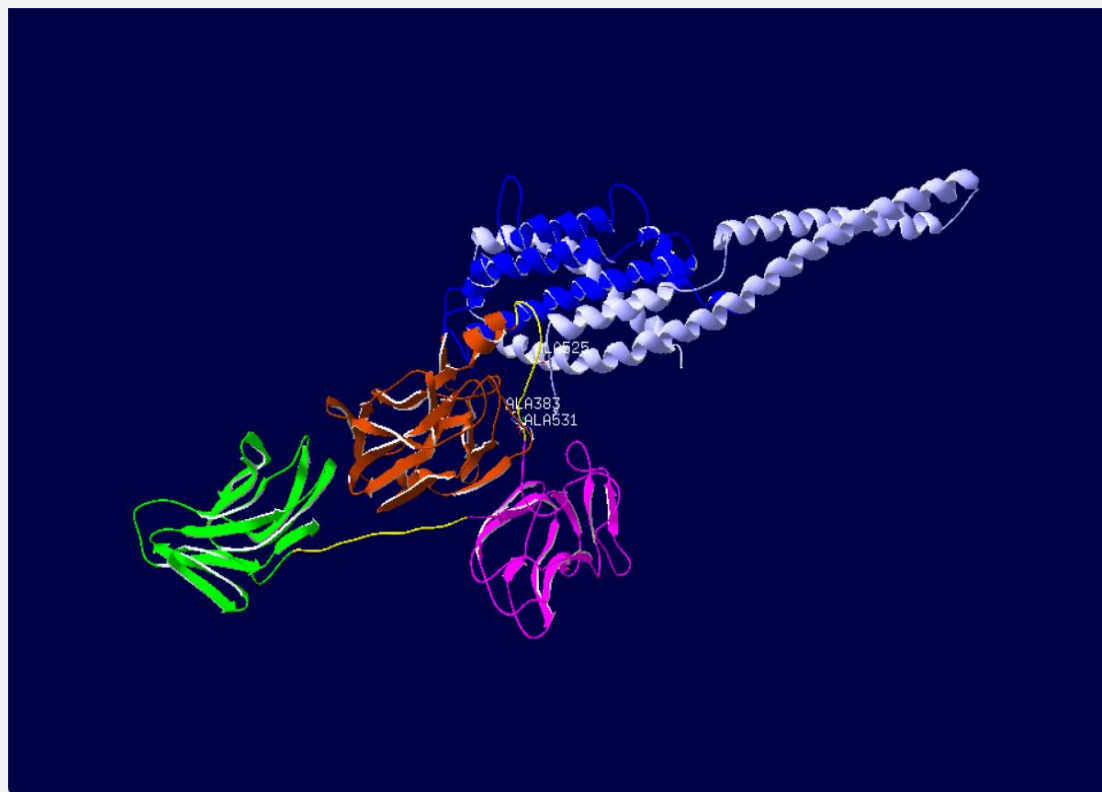
中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

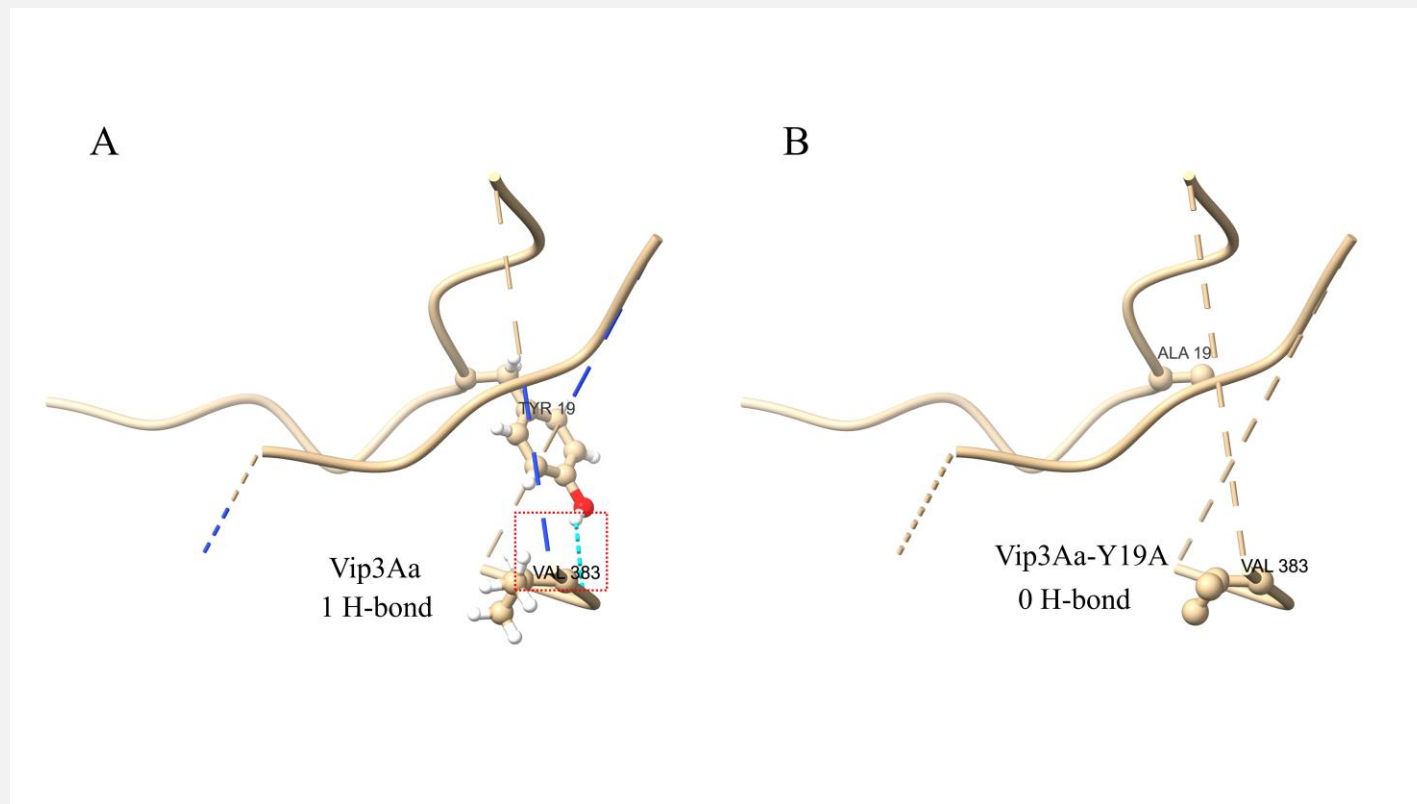
## 蛋白质三维结构



处理前



处理后



Alphafold3预测模型表明，V383A突变减少了结构域III与Y19之间的氢键数量，可能降低了N端解离的能力，从而更易激活。



Part **3**

# 总结与展望



通过使用uniprot数据库, MEGA12、序列比对工具、NCBI 保守结构域数据库等获得了Vip3A蛋白氨基酸序列的基本信息与特征; 设计Vip3A结构域III突变位点, 并使用Swisspdbviewer软件进行了氨基酸突变获得Vip3A蛋白突变体模型。

下一阶段, 主要进行实验操作, 构建Vip3A蛋白突变体;

最后, 在蛋白突变体构建成功之后, 检测蛋白是否可以正常表达, 如果能够获得表达蛋白, 我们则需要对突变体蛋白的活性进行测定, 确定Vip3A蛋白结构域III突变后对其活性的影响。

# 小组成员与分工



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES



韩现乐：资料与数据收集

杨荣：PPT汇报

张孟彤：PPT制作

卜亚欧：资料与数据收集



中国农业科学院

CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

**Thanks for listening!**

---