



本刊评论

The Editorial

鳞翅目模式害虫小菜蛾基因组破译

The Genome of Diamondback Moth Sequenced, a Model Pest in Lepidoptera

Silas Xie[✉]

《基因组学与生物技术》编辑部, British Columbia, Canada

✉ 通讯作者: silas@sophiapublisher.com; ✉ 作者

基因组学与生物技术, 2013 年, 第 2 卷, 第 1 篇 doi: 10.5376/gb.cn.2013.02.0001

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

建议最佳引用格式:

引用格式(中文):

Xie S., 2013, 鳞翅目模式害虫小菜蛾基因组破译, 基因组学与生物技术(online) Vol.2 No.1 pp.1-2 (doi: 10.5376/gb.cn.2013.02.0001)

引用格式(英文):

Xie S., 2013, The Genome of Diamondback Moth Sequenced, a Model Pest in Lepidoptera, Jiyinzuxue Yu Shengwu Jishu (online) Vol.2 No.1 pp.1-2 (doi: 10.5376/gb.cn.2013.02.0001)

摘要 2013 年 1 月 14 日, 国际著名学术期刊《Nature Genetics》上在线发表小菜蛾基因组测序的研究成果, 论文题目为《A heterozygous moth genome provides insights into herbivory and detoxification》。这项研究由福建省福建农林大学主持, 由福建农林大学和深圳华大基因研究院共同完成, 英国剑桥大学等多家单位参与。获得了 1 819 条 scaffold 序列(N50=737 kb), 大小约为 343 Mb 的小菜蛾基因组; 预测到了 18 071 个蛋白质编码基因和 1 412 个小菜蛾特有的基因。小菜蛾基因组的测序对深入了解和阐明昆虫与寄主植物协同进化的相互关系及分子机理, 进一步开展鳞翅目昆虫的基因组研究具有里程碑意义。

关键词 小菜蛾; 基因组; 破译

2013年1月14日, 国际著名学术期刊《Nature Genetics》上在线发表小菜蛾基因组测序的研究成果, 论文题目为《A heterozygous moth genome provides insights into herbivory and detoxification》。这项研究由福建省福建农林大学主持, 由福建农林大学和深圳华大基因研究院共同完成, 英国剑桥大学等多家单位参与。

小菜蛾属鳞翅目菜蛾科, 学名: *Plutella xylostella* (L.), 英文名: Diamondback moth, 被认为是分布最广泛的世界性鳞翅目害虫。由于小菜蛾发生世代多, 繁殖能力强, 寄主范围广, 因此, 也被作

为研究鳞翅目昆虫的一个模式害虫。通过研究小菜蛾基因组, 对于揭示小菜蛾与十字花科植物协同进化及其抗药性的适应进化与治理等均具有重要的科学价值。

大多数农业害虫基因组自身高度杂合、结构变异复杂的特点以及动物自交衰退的遗传特性, 要获得理想的全基因组测序是一项十分挑战的工作。对小菜蛾基因组测序, 不但首先要构建小菜蛾自交品系, 而且还要对不同自交世代的单个个体的基因组变异进行比较。该研究组采用 Fosmid-to-Fosmid 结合基于全基因组鸟枪法(WGS)策略进行小菜蛾基因组测序和组装, 解决了大片段重叠序列组装和杂合区域排除的技术难题, 最终获得了 1 819 条 scaffold 序列(N50=737 kb), 大小约为 343 Mb 的小菜蛾基因组(图1); 预测到了 18 071 个蛋白质编码基因和 1 412 个小菜蛾特有的基因(You et al., 2013)。

收稿日期: 2013 年 01 月 17 日

接受日期: 2013 年 01 月 21 日

发表日期: 2013 年 01 月 22 日

Doi: 10.5376/gb.cn.2013.02.0001

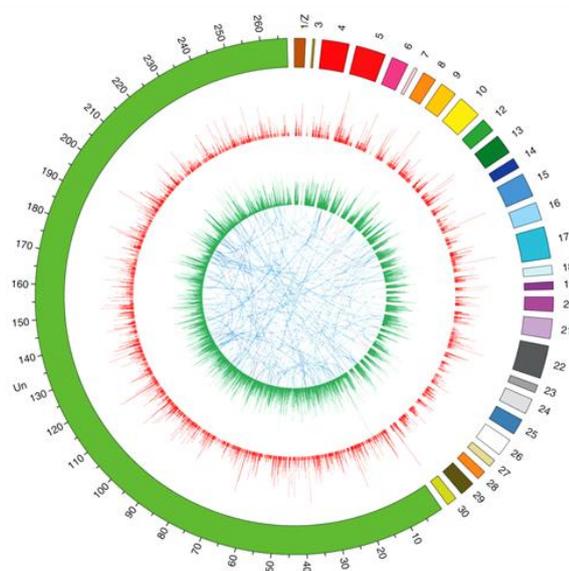


图1 测序小菜蛾 (*P. xylostella*) 中的基因组变异(You et al., 2013)

注: 最外面的圆圈表示用 100 kb 单位尺度装配的参照基因组; 能被指派到连锁群的 Scaffolds 以随机顺序组合产生 28 个染色体的部分序列; 绿色的部分表示这些 Scaffolds 不能被指派(Un); 最里面的圆环表示大于 8 kb 的片段重复, 连接线表示原始片段和副本位置; 100%相似性的片段重复用红色表示, 大于 90%相似性的片段用蓝色表示; 柱状图则分别表示单核苷多态性(SNPs)的数量(红色, 外圆)以及在 30 kb 和 50 kb 范围中的插入和缺失(Indels)(浅绿色, 内圆)

Figure 1 Genomic variations within the sequenced *P. xylostella* strain (You et al., 2013)

Note: The outermost circle shows the reference genome assembly with a 100 kb unit scale; Scaffolds that could be assigned to linkage groups are joined in arbitrary order to generate the partial sequences of 28 chromosomes. The green segment represents the scaffolds that were unable to be assigned (Un); The innermost circle denotes segmental duplications (of ≥ 8 kb), with connections shown between segment origins and duplication locations; Segmental duplication pairs with 100% similarity are shown in red, and those with $\geq 90\%$ similarity are shown in blue. Histograms indicate the number of SNPs (red, outer circle) and indels (light green, inner circle) in 30 kb and 50 kb windows, respectively

利用现有昆虫基因组信息构建系统发育树, 发

现小菜蛾属于鳞翅目昆虫中一个原始的类型, 这与之之前细胞学的研究结果一致; 通过分析不同个体间的测序数据, 发现小菜蛾种群内部存在着大量的基因组变异, 这可能是小菜蛾具有广泛适应性的重要遗传学基础。从1 412个小菜蛾特有基因中发现一些参与感知和解毒的基因家族发生了明显的扩张。

研究结果通过分析在幼虫阶段偏好表达的基因, 发现与气味感受、食物消化和解毒代谢相关的基因所构成的复杂基因网络, 其中以解毒代谢相关基因的种类最为丰富, 多数成员在昆虫消化食物最重要的器官中肠中大量表达。

研究结果还揭示了一些重要的功能基因, 如小菜蛾硫代葡萄糖苷硫酸酯酶(GSS)基因和硫酸酯酶修饰因子基因1 (SUMF1)在幼虫时期的协同表达是决定小菜蛾能够取食十字花科蔬菜的关键, 阐释了小菜蛾与寄主植物在长期进化过程中所形成的特殊关系。而ABC转运蛋白家族的扩张, 则可能是除细胞色素单加氧酶(P450)、谷胱甘肽转移酶(GST)和羧基酯酶(COE)这三大水解酶家族外, 更加值得关注的代谢解毒酶类。

毫无疑问, 小菜蛾基因组的测序对深入了解和阐明昆虫与寄主植物协同进化的相互关系及分子机理, 进一步开展鳞翅目昆虫的基因组研究具有里程碑意义。

参考文献

You M.S., Yue Z., He W.Y., Yang X.H., Yang G., Xie M., Zhan D.L., Baxter S.W., Vasseur L., Gurr G.M., Douglas C.J., Bai J.L., Wang P., Cui K., Huang S.G., Li X.C., Zhou Q., Wu Z.Y., Chen Q.L., Liu C.H., Wang B., Li X.J., Xu X.F., Lu C.X., Hu M., Davey J.W., Smith S.M., Chen M.S., Xia X.F., Tang W.Q., Ke F.S., Zheng D.D., Hu Y.L., Song F.Q., You Y.C., Ma X.L., Peng L., Zheng Y.K., Liang Y., Chen Y.Q., Yu L.Y., Zhang Y.N., Liu Y.Y., Li G.Q., Fang L., Li J.X., Zhou X., Luo Y.D., Gou C.Y., Wang J.Y., Wang J., Yang H.M., and Wang J., 2013, A heterozygous moth genome provides insights into herbivory and detoxification, *Nature Genetics*, doi:10.1038/ng.2524