
新研究揭示海生昆虫起源之谜

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/23730.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

新研究揭示海生昆虫起源之谜。

近日，中山大学教授谢强团队与华南师范大学教授栾云霞、荷兰自然历史博物馆博士陈萍萍等科研人员合作，研究揭示了海生昆虫起源之谜。相关研究以《海蝓回归海洋的3亿年进化历程》为题发表于《生物科学》。

海蝓科是昆虫纲中罕见的严格海生类群，主要分布于太平洋和印度洋的热带海域。由于海生昆虫通常物种稀少、分布遥远、生境独特，因而进行野外采集和室内研究的难度很大。



羚羊礁海蝓雄性个体。研究团队供图

2018-2019年，谢强团队3次赴羚羊礁海域并短期住岛，突破了海螯采集的瓶颈、获得大量个体样本，随后生成了包括核基因组、转录组、宏基因组等在内的多种数据，为以海螯为代表深入认识海生昆虫的起源与适应奠定了数据基础。

基于所生成的高质量核基因组，研究团队在节肢动物门的进化框架内进行了六足动物亚门—昆虫纲的系统发育基因组学研究。结果表明，海螯科昆虫起源于侏罗纪早期的约1.92亿年前，而该时期正是三叠纪末集群绝灭后海洋珊瑚礁系统漫长的恢复期，至少持续到了侏罗纪中期。珊瑚礁系统大范围、长时期的恢复过程，很可能是海螯科起源的古生态学驱动因素。

与同时被纳入分析的海蝎螯和海宽螯等昆虫相比，海螯的起源更早、很可能是最早成功回到典型海洋环境生活的昆虫。而这相较于六足动物的海生祖先来说，中间已经相隔了3亿多年，昆虫祖先在成功登陆并分化出高度多样的类群之后，个别类群再次回到海洋、适应海洋之难，可见一斑。

基因家族扩张/收缩的分析表明，羚羊礁海螯的基因组发生了较大程度的收缩(26个基因家族显著收缩，4个显著扩张)，发生收缩的基因家族在形态建成、昼夜节律、蜕皮周期、翅的飞行等方面发挥着重要的作用。在基因家族层面，海螯适应海生生活的方式更多在于做减法而不是加法。

该研究在系统发育基因组学分析中，还尝试突破了基于参考物种基因组中的单拷贝基因构建直系同源集的理论经验，成功展示了两拷贝基因同源集用于动物系统发育研究的有效性。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1098/rspb.2023.0855>

作者：谢强等 来源：《生物科学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发