美国白蛾入侵分子机制获揭示

作者：黄辛 来源：中国科学报

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/3469.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！

美国白蛾入侵分子机制获揭示。中科院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所詹帅研究组、黄勇平研究组与中国林业科学研究院森林生态环境与保护研究所等单位合作，揭示了美国白蛾入侵种群的群体遗传学特征，并提出了代谢可塑性促进外来入侵种快速适应新生境的假说。该成果近日在线发表于《自然—生态与进化》。

美国白蛾起源于北美地区，目前已蔓延到北半球大部分国家和地区，是世界性检疫害虫。自1979年在我国辽宁省丹东市首次被发现以来，该害虫已扩散到长江流域，疫区涉及10余个省(市、区)，被列入我国首批外来入侵物种名单。

研究人员分析了美国白蛾在我国环渤海地区多个发生地点的群体遗传学特征后发现，入侵我国的美国白蛾种群在基因组水平呈现典型的瓶颈效应，溯祖分析显示种群收缩始于其传入中国之前，提示我国美国白蛾种群起源于其他国家的入侵种群而非由原发地直接输入。

研究人员进一步研究发现，功能多样性可能在美国白蛾入侵过程中发挥重要作用，功能多样性最为显著的基因富集到的通路几乎全部与糖代谢相关，其味觉受体(主要是苦味受体)基因显著扩张，苦味受体基因的功能多态性高于其他化学感应受体和基因的总体水平。由此，研究人员推断经味觉受体和糖代谢通路变异调节的代谢可塑性可能在美国白蛾快速适应新生境的过程中发挥重要作用。同时，研究人员发现美国白蛾低龄幼虫的丝腺具有特殊的表达格局，并鉴定到保幼激素通路、转录因子等特异性调节美国白蛾丝腺发育的重要基因。(来源：中国科学报 黄辛)

相关论文信息：DOI:10.1038/s41559-018-0746-5

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转发