
研究揭示美国白蛾种群入侵的分子机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3612.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！

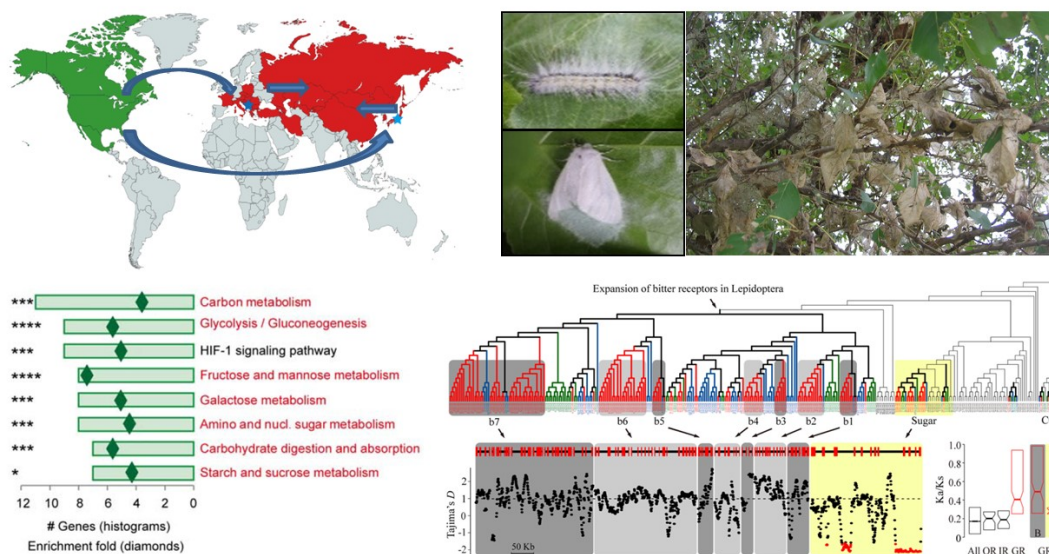
研究揭示美国白蛾种群入侵的分子机制。2018年12月11日，国际学术期刊Nature Ecology & Evolution 在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所詹帅研究组、黄勇平研究组与中国林业科学院森林生态环境与保护研究所等单位合作完成的题为Fall webworm genomes yield insights into rapid adaptation of invasive species 的研究论文。该研究揭示了美国白蛾入侵种群的群体遗传学特征，并提出了代谢可塑性促进外来入侵种快速适应新生境的假说。

随着改革开放的深入和对外交流的扩大，我国已经成为遭受入侵生物危害最严重的国家之一；外来入侵种严重威胁本地生态环境和生物多样性，并造成巨大的经济损失。除缺少天敌等生态水平的假说，外来入侵种快速适应新生境的分子机制尚不清楚。美国白蛾起源于北美地区，第二次世界大战期间随军事物资运输，先后传播到东欧、日本等地；经过半个多世纪的扩散，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年美国白蛾在我国辽宁省丹东市首次发现以来，目前已扩散到长江流域，疫区涉及10余个省(市、区)，对我国林业、农业带来严重的经济损失，被列入我国首批外来入侵物种名单。

研究人员借助高通量测序、CRISPR/Cas9等技术手段，构建了高质量的美白蛾基因组和高效的基因编辑平台，并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。研究人员发现入侵我国的美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开始于美国白蛾传入中国之前，提示我国的美白蛾种群起源于其它国家的入侵种群而非由原产地直接输入。研究人员进一步发现美国白蛾入侵种群的基因编码区，特别是非同义位点，相较于基因组其它区域呈现更高的杂合子比例，提示功能多样性可能在白蛾入侵过程中发挥重要作用。值得注意的是，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。此外，研究人员还发现美国白蛾味觉受体(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它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。另一方面，研究人员还关注美国白蛾(又名秋幕毛虫)吐丝结网的分子机制。通过与鳞翅目经典的吐丝结茧昆虫——家蚕比较，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。

研究成果为外来入侵种的综合防治提供了理论基础。植生生态所博士研究生武宁宁、森环森保所副研究员张苏芳等为该论文的共同第一作者，植生生态所研究员詹帅、黄勇平以及森环森保所研究员张真为共同通讯作者；美国肯塔基大学、加州大学欧文分校等国内外科研人员指导、协助部分研究工作。该研究得到国家自然科学基金、科技部、中科院、中国林业科学研究院、林业公益性行业科研专项项目等资助。

文章链接



研究揭示美国白蛾种群入侵的分子机制

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