研究揭示黑水虻独特生物学特性的遗传基础并实现品系改良

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/7440.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！

11月26日，国际学术期刊*Cell Research*在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心黄勇平研究组联合詹帅研究组、王四宝研究组及华中农业大学教授喻子牛、浙江大学副教授张志剑和华中师范大学教授杨红等团队合作完成的研究工作“*Genomic landscape and genetic manipulation of the black soldier fly Hermetia illucens, a natural waste recycler*”。该研究通过整合基因组、转录组、宏基因组等多组学手段揭示了黑水虻独特生物学特性的遗传基础，并通过基因编辑等手段实现了黑水虻品系的初步改良。

随着人口增加和城市化进程的发展，城市生活垃圾等污染问题日益严重。传统的垃圾处理方式（如填埋、焚烧等）由于占地和二次污染等问题已无法满足国家生态文明建设规划和城市环境可持续发展的要求。农村家禽和家畜饲养过程中产生的排泄物也需要更好的处理方式。新型无害化、可持续利用的垃圾处理方式亟待开发与利用。黑水虻（Hermetia illucens）是腐生性的双翅目水虻科昆虫，能够生存在肮脏环境中取食粪便等有机废弃物，并转化为自身储存的高蛋白，广泛应用于高价值的动物饲料。因此，具有资源化利用有机废弃物的巨大潜力。但长期以来，由于缺乏基因组资源和遗传操作手段，严重制约了黑水虻分子水平的功能研究和品系的遗传改良。

研究人员通过高通量测序和生物信息分析构建了黑水虻1.1Gb高质量基因组，预测了16700个黑水虻蛋白编码基因，基因组覆盖度接近100%。黑水虻基因组远大于主要的双翅目蝇类昆虫，存在大量的重复片段和基因组复制现象。比较基因组分析显示：黑水虻的解毒基因、嗅觉受体、免疫通路等基因家族发生显著扩张。特别是免疫通路的识别与效应模块，同时在黑水虻与家蝇基因组中大量复制，提示昆虫对肮脏环境的适应可能是通过免疫识别与效应模块的复制来实现。研究人员进一步探究黑水虻取食不同粪便和餐厨垃圾后自身基因表达和肠道微生物群落的变化情况，发现黑水虻响应不同种类有机废弃物的是同一批基因，包括大量的免疫、消化相关基因及物种特异性基因，而肠道菌群的多样性受不同种类有机废弃物的影响较大，但厚壁菌门始终占据优势地位。研究人员还首次建立了黑水虻基因编辑平台，通过CRISPR/Cas9技术成功敲除黑水虻滞育相关基因Ptth和翅发育调节基因Vg。其中，Ptth突变体黑水虻发育停滞在幼虫期超过90天，可实现幼虫期连续取食，显著提升黑水虻的利用效率；Vg突变体黑水虻幼虫发育正常，但成虫失去飞行能力，借助合理的遗传手段有望显著降低黑水虻成虫的饲养和回收难度。

资源昆虫的研究和应用是昆虫科学的重要研究领域。分子植物卓越中心有多个团队从事家蚕和黑

水虻等资源昆虫的研究，致力于通过基因编辑、合成生物学等手段揭示资源昆虫重要性状的分子机制，并实现资源昆虫的种质改良和工业化利用。该项研究由多家科研单位、多个研究组合作完成，研究成果为黑水虻品系的改良与工业化利用奠定了重要基础。华中农业大学教授张吉斌团队贡献了重要的水虻品系和相关材料，詹帅和王四宝团队各自发挥了重要作用。分子植物卓越中心研究生房刚奇、寇宗庆与华中农业大学博士蔡珉珉为该论文的共同第一作者，黄勇平和詹帅、张吉斌以及美国德州农工大学Jeffery K. Tomberlin为共同通讯作者；杨红、张志剑等指导了部分工作的开展。该研究得到中科院和科技部项目的资助。

文章链接

研究揭示黑水虻独特生物学特性的遗传基础并实现品系改良

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所

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