
昆明动物所在蝴蝶基因组大小进化方面取得新进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/8046.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！

蝴蝶因其丰富的形态多样性，自达尔文时代就作为研究物种适应性进化的重要类群之一，近几年更被认为是研究形态遗传、进化和发育的理想模型，已成为发育生物学、进化生物学、种群遗传学、保护生物学和生态学等研究领域的重要模式生物之一。

中国科学院昆明动物研究所科研团队在2015年完成所有蝴蝶模式种金凤蝶及其近缘种柑橘凤蝶两种凤蝶基因组，以蝴蝶为例首次实现野生昆虫的基因编辑(Li et al., 2015, Nature Communications

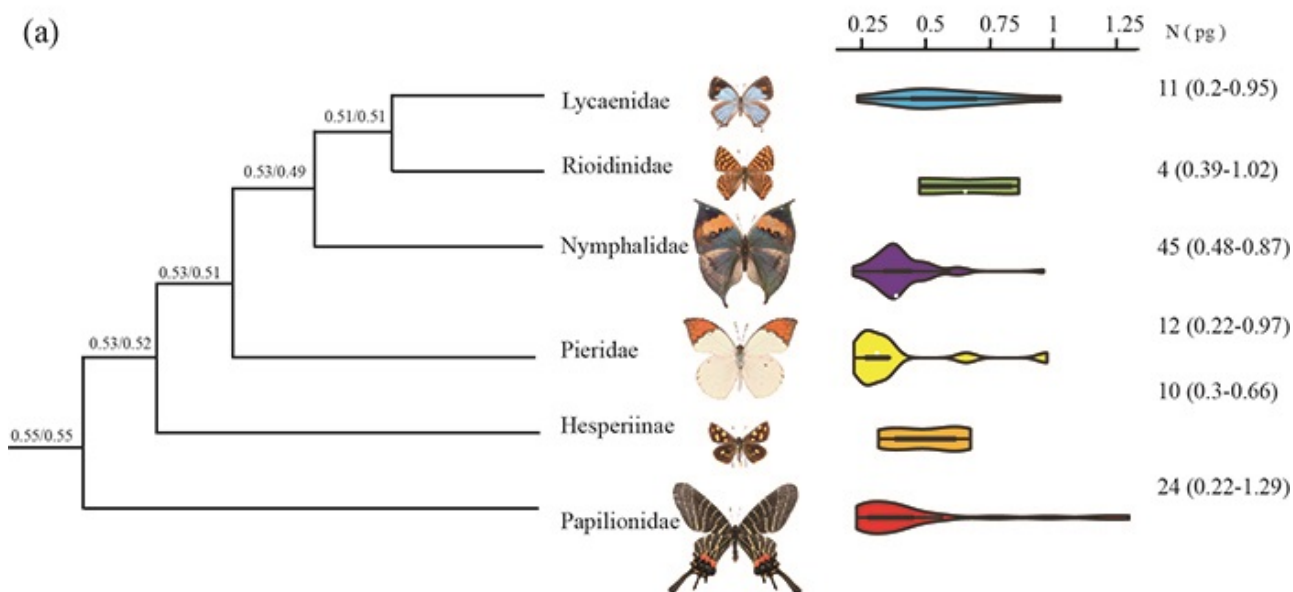
)。在此基础上，为了在蝴蝶系统发育的更大尺度下更好地探讨蝴蝶形态等表型多样性进化的遗传基础，于2017年启动了蝴蝶谱系基因组计划。作为蝴蝶谱系基因组计划的第一步和基础，该团队利用流式技术测定涵盖中国分布所有科和几乎所有亚科共67种蝴蝶的基因组C值，并利用二代测序技术对其线粒体基因组进行组装，其中1亚科23属59种的线粒体基因组为首次报道。结合公共数据库中的基因组大小和线粒体基因组数据，构建了6科29亚科145属264种蝴蝶的蝴蝶系统发育树，并在此系统发育框架上探讨了6科24亚科71属共106种蝴蝶基因组大小的进化。研究结果表明，蝴蝶的基因组大小在0.203pg(199Mb)(蛱蝶科：Heliconius xanthocles)到1.287pg(1253Mb)(凤蝶科:Parnassius orleans

)之间，差异达6.4倍；科内差异最大的是凤蝶科(5.9倍：0.22-1.29pg)，其次是蛱蝶科(4.8倍：0.2-0.95pg)、粉蝶科(4.4倍：0.22-0.97pg)、灰蝶科(2.6倍：0.39-1.02pg)、弄蝶科(2.2倍：0.3-0.66pg)和蛱蝶科(1.8倍：0.48-0.87pg)。研究结果还表明，蝴蝶的祖先基因组大小约为0.5pg，不同亚科或族的某些祖先基因组大小的增减事件，导致了现生蝴蝶基因组大小的多样性变异。这些研究结果不仅为蝴蝶基因组大小的进化提供了新见解，而且也为未来的基因组测序计划提供了重要的参考。

该研究以Genome size variation in butterflies(Insecta, Lepidoptera, Papilionoidea): A thorough phylogenetic comparison为题，于1月7日发表在Systematic Entomology

上。昆明动物所副研究员李学燕是文章的第一通讯作者，研究员王文是共同通讯作者，团队成员刘贵春（暨西北工业大学在职博士生）、常洲为文章的并列第一作者。该研究得到国家自然科学基金项目(31621062)、中科院战略性先导科技专项（B类）(XDB13000000)、“西部青年学者”项目（A类）和遗传资源与国家重点实验室（GREKF18-13）等的支持。

[文章链接](#)



凤蝶总科基因组大小变化

昆明动物所在蝴蝶基因组大小进化方面取得新进展

研究团队单位：昆明动物研究所

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](http://www.iikx.com)转发