
昆明动物所在枯叶蛱蝶基因组研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9714.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！

保护性的外观相似（Protective resemblance）是动物生存竞争中的一种重要的生态适应机制。一个物种可通过与其所生存的环境相似（crypsis 隐匿）、模拟环境中的某些物体（masquerade 伪装）或者模拟环境中的其它物种（mimcry 拟态:如贝氏拟态和缪氏拟态），从而得以保护自己。很多昆虫，特别是蝴蝶，表现了各种各样的保护性形态，成为达尔文和华莱士用作支持自然选择理论的重要证据。枯叶蛱蝶（*Kallima inachus*, dead-leaf butterfly）（蛱蝶科）就是具有保护性形态的教科书物种之一，其翅形似叶、翅腹面枯叶色并且从前到后有1条深褐色横线和几条斜线酷似叶脉，静息时竖立的翅极似枯叶，通过伪装成枯叶（也称叶形拟态）从而避免被天敌捕食。尽管枯叶蝶被认为是伪装案例的典型代表，然而对形成这种伪装的遗传分子基础几乎一无所知。

中国科学院昆明动物研究所进化基因组学与基因起源研究组长期以蝴蝶为例，致力于昆虫形态进化的遗传基础研究，在2015年解析金凤蝶（所有蝴蝶的模式种）及其近缘种柑橘凤蝶基因组，并以蝴蝶为例首次实现野生昆虫基因编辑（Liet al., 2015, Nature Communications

）的基础上，一方面继续结合其它多组学数据和功能验证调查蝴蝶形态进化的遗传调控基础，另一方面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。继测定了中国各科代表种类蝴蝶的基因组C值并发现蝴蝶祖先基因组大小均约为500 Mb（Liu et al., Systematic Entomology, 2020），完成了首个利用Hi-C技术与三代长读长测序技术相结合解析的染色体水平的蝴蝶（碧凤蝶）基因组（Luet al., GigaScience, 2019）之后，该研究团队近期结合核型实验、三代长读长测序技术和Hi-C技术，又成功地解析枯叶蛱蝶染色体水平的高质量基因组。研究结果表明，（1）枯叶蛱蝶具有30条常染色体和2条性染色体（ZW）；（2）参考基因组总长约569 Mb，scaffold N50高达19.2 Mb，组装到32条染色体，包括30条常染色体及Z和W两条性染色体，这是首个组装了W染色体的蝴蝶参考基因组，也是至今组装得最完整的蝴蝶参考基因组；（3）注释到15039个蛋白编码基因，重复序列高达总序列的近50%；（4）利用4D位点构建进化树提示叶形拟态的枯叶蝶与无叶形拟态的近缘种（庆网蛱蝶）在40百万年前产生分歧；（5）通过PSMC对枯叶蛱蝶的历史种群动态进行分析，结果显示枯叶蛱蝶数量在最近一次间冰期随温度的下降而减少。利用CRISPR/Cas9基因编辑的结果表明，多效基因ebony

基因对翅腹面和翅背面的橙色区有重要影响，提示ebony

基因在枯叶蝶的生态适应进化中具有重要作用。这些结果为进一步探讨ZW型昆虫性染色体进化、枯叶蝶保护性外观相似的遗传机制和保护色的分子基础提供了重要的基因组资源和方法思路。

该研究以Chromosome-level reference genome assembly and gene editing of the dead-leaf butterfly *Kallima inachus* 为题，于5月12日在Molecular Ecology

Resources

上发表。该成果是在昆明动物所副研究员李学燕带领的昆虫研究团队潜心专研下取得的，李学燕是该文的末位通讯作者。

该研究得到国家自然科学基金项目(No. 31621062)、遗传资源与进化国家重点实验室开放课题(No. GREKF18-13)、中科院“西部青年学者”项目(A类)、中科院战略性先导科技专项(B类)(XDB13000000)等的支持。

[论文链接](#)

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