研究选萃

昆虫多样性仅来自51种特有蛋白

中国科学院动物研究所康乐研究员领导的研究组,在昆虫特有蛋白的鉴定中取得突破性进展。该研究组通过分析完全变态与不完全变态昆虫的基因组信息,并与其他真核生物的基因组信息进行比较,鉴定出51种昆虫特有蛋白,包括与环境胁迫和感受刺激相关的蛋白、表皮蛋白和气味结合蛋白等,揭示了昆虫在环境适应与信息交流方面的独特特征。相关论文发表在国际著名基因组学杂志《BMC Genomics》上。

该项研究的对象包括不完全变态的飞蝗,完全变态的果蝇、蜜蜂、埃及伊蚊和家蚕的基因组信息,并与主要的真核生物真菌、线虫、小鼠和人类的基因组进行细致的比较。该研究组成功鉴定了51种昆虫特有蛋白,其中许多是昆虫的表皮蛋白和气味结合蛋白。表皮蛋白与昆虫的蜕皮、变态等重要生理过程密切相关,而气味结合蛋白在昆虫寻找食物与配偶的过程中发挥重要作用,说明在昆虫的进化与分化过程中,对环境的适应与交流对于塑造昆虫的形态与生理特征起到了关键的作用。该项研究向世人揭示,昆虫尽管有着丰富多彩的外形和迥异的习性,但是造成这种多样性的原因,并不像人们原来认识的那样,即以为原因是昆虫拥有多样化的蛋白。

对这些蛋白的基因进行KaKs分析发现,大多数昆虫特有蛋白有很低的KaKs值,说明这些蛋白在进化过程中突变率低,能够为昆虫提供稳定的蛋白质组成。研究中通过比对发现,昆虫特有蛋白的基因序列具有较少的冗余,可能也为昆虫提供了优于其他真核生物的环境适应优势。既比较稳定,也比较善于适应环境,昆虫的特有蛋白确实很有趣。对其功能的进一步验证,有助于科学家推测昆虫亿万年来在基因组与蛋白质组方面的进化过程。该项研究证明,昆虫生命形式的多样性并不是通过增加大量不同的基因实现的。

(摘自2007年6月19日《科学时报》)

果蝇具有"趋利避害"的抉择能力

——我科学家获果蝇两难抉择研究新发现

《科学》6月29日发表了中国科学院上海生命科学研究院神经科学研究所郭爱克院士领导的学习与记忆研究组最新的一项研究成果,其内容是关于多巴胺和蘑菇体环路调控果蝇基于价值的抉择。

将果蝇作为研究两难抉择的模式动物,郭爱克实验室在国际上是第一家。这份研究报告,不仅证明了果蝇具有面对两难局面的简单"趋利避害"的抉择能力,还初步证明了果蝇脑中蘑菇体结构参与这一过程。为理解脑的这一智能抉择行为提供了更为简约的模型生物和新的抉择方式,也表明基于脑内"价值系统"的抉择行为,并非人类或非人灵长类的"专利"。

抉择是一个极其复杂的脑过程。抉择是指当一个生物体面对一系列分歧的可选方案时,出于愿望或是最佳的考虑,做出相应的行动,以便获得或避免一定的结果。

研究证明,果蝇中央脑的蘑菇体结构和多巴胺系统共同掌控果蝇的基于价值的抉择,没有二者共同参与的抉择,是简单的"犹豫不决"的线性抉择过程,而二者的协同运作才使两难抉择成为"当机立断"的非线性抉择。

研究小组还发现,果蝇有能力完成系列的抉择任务,即在面对新的抉择任务时,果蝇能放弃在应对前一个抉择任务时所做的选择,转而做出新的选择,体现了在抉择的"稳定性"和"灵活性"之间的统一。此外,也是最重要的研究表明,果蝇脑中的蘑菇体可能起到类似的"门控"作用,它和多巴胺系统共同实现抉择过程中的"门控"、"聚焦"和"放大"机制,从而导致非线性的陡峭的"S"形曲线。该项研究对认识人类脑的高度智慧有借鉴作用。

(摘自2007年7月2日《科技日报》)

转Bt基因作物的生态影响

转苏云金杆菌(Bt)毒素基因作物的生态安全性一直是一个有争议的话题。2007年6月8日的《Science》报道了Marvier和同事对42个田间实验的分析结果,得出如下结论:与喷洒杀虫剂的普通作物相比,转Bt基因作物对蝴蝶、蜜蜂等非目标昆虫的影响相对要小;但是与不用杀虫剂的普通作物相比,Bt作物上的非目标昆虫的确少得多。这种Bt杀虫技术与非目标昆虫间的关系值得关注。(王琛柱)

为什么昆虫的种类更多?因为昆虫存在时间较长

Haldane曾有句著名的妙语:"上帝酷爱甲虫"。达特茅斯学院的Mark和格林内尔学院的Jonathan的研究表明,上帝的爱不在于他创造了这么多种甲虫,而是在于让甲虫在地球上存在了这么久。McPeek和Brown发表在《美国博物学家》4月号的研究表明,许多昆虫如甲虫和蝴蝶具有极其丰富的物种是由于其进化历史久远。相反,物种多样性较低的类群,如哺乳动物和鸟类,在进化历史上是比较年轻的。对于一个基本的生物学之谜来说这个答案简单得令人惊异。他们收集了

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n

分子系统发育学数据(用基因信息表示物种间的进化关系的数据)和化石记录数据来探讨现生的物种较多的类群是否物种形成的速率比较快。然而物种多样性丰富的动物如软体动物、昆虫、蜘蛛、鱼、两栖动物、爬行动物、鸟和哺乳动物似乎在整个进化时间上新物种形成的速率令人惊讶的相似。而物种较多的类群只不过是那些存在时间较长的类群。因此他们的分析确定时间是整个动物物种多样性格局的主要决定因素。考虑到地球上的生物正在以空前的速率灭绝,这些发现更加使人警醒。我们正飞快地失去自然界耗时数亿年才构建的物种多样性,而这种损失只有时间才可以修复。(韩红香)

昆虫与植物协同进化影响植物群落结构

协同进化理论认为:植物体内化学物质结构的多样性,很大一部分原因是由于植食性动物对其选择的结果。因为植食性动物经常取食那些在化学结构上相似的植物,从而把选择的压力强加于植物上,结果导致植物体内化学物质的结构发生变化,使植物群落向具有不同化学物质结构的方向分化。2007 年 5 月 1 日《PNAS》报道,亚利桑那州大学的 Judith 教授利用叶甲种群和它们寄主植物之间具有协同进化的关系,测定了墨西哥热带干旱森林中共存的植物在化学结构上的差异是否比那些随机共存的植物的化学结构的差异要大。结果表明一些植物群落在其体内化学物质的结构是明显分化的,而且这种分化的程度与植物和植食性昆虫之间关系的紧密程度、测定的空间尺度是相关联的。随着协同进化过程中特化的加强和空间尺度的减小,植物群落就越趋于化学结构不同的方向分化。在一个相当局限的区域内,植食性动物和植物之间如果有紧密的、一对一的关系,植物群落就表现出化学结构明显不同的分布模式。(孙九光)

都是蜜蜂自己的信息素惹的祸

物种间相互作用在协同进化过程中起重要作用。例如,天敌需要战胜寄主防御来增加自身适应性。反之,寄主进一步产生抵御天敌机制。通常这种相互作用处于严密平衡状态,使寄主和天敌都能得以幸存。但是,一旦寄主缺乏对天敌的防御能力,这种平衡就会有利于天敌。一种原产于南非的寄生性天敌小蜂窝甲虫 *Aethina tumida* 入侵到欧洲后,对欧洲西方蜜蜂 *Apis mellifera* 造成大面积危害。在原产地,非洲蜜蜂和小蜂窝甲虫之间的长期协同进化使得非洲蜜蜂具备相应的抵御机制而不会对其造成危害。那么小蜂窝甲虫入侵到欧洲后,给欧洲养蜂业带来灾难的原因是什么?2007 年 5 月 4 日出版的《PNAS》报道了这一问题的答案。Torto 等发现,长期驯养使欧洲蜜蜂不具备针对小蜂窝甲虫的防御能力。更为有趣的是,欧洲蜜蜂用于防御的警戒信息素成分混合物(乙酸异戊酯,2—庚酮和甲基安息香酸盐)恰恰是小蜂窝甲虫的聚集信息素。而且小蜂窝甲虫对警戒信息素的硕别比蜜蜂更为灵敏。小蜂窝甲虫利用蜜蜂警戒信息素来促进定位欧洲蜜蜂,并取食蜜蜂幼虫和花粉。同时,小蜂窝甲虫携带的奥默柯达菌 *Kodamaea ohmeri* 也能产生相同的警戒信息素成分,协助小蜂窝甲虫找到寄主蜜蜂。所以,欧洲蜜蜂—天牛—酵母菌—花粉之间的特殊多营养级相互作用,为引发小蜂窝甲虫在欧洲的养蜂业灾难提供了便利。(赵利蔺)

影响果蝇味觉感受及寄主植物的选择的基因

在漫长的进化过程中,果蝇这个家族中的 *Drosophila sechellia* 演变成了一种专食性昆虫,它的寄主植物是诺丽(*Morinda citrifolia*,又名 *Tahitian noni*)。这种植物含有己酸(HA)和辛酸(OA)。其它的果蝇都排斥这 2 种物质因而对诺丽避之唯恐不及,而偏偏 *D. sechellia* 受其吸引而对诺丽"情有独钟"。这到底是为什么呢?最近,日本城市大学的研究者在 2007 年 5 月的《PLoS Biology》上报道,气味结合蛋白基因 *Obp57d* 和 *Obp57e* 的产物使 *D. sechellia* 产生了对 HD 和 OD 的不同味觉感受从而导致了这种种间的行为差异。

首先,作者将一系列的 *D. melanogaster* 突变体与 *D. sechellia* 杂交,再用行为实验确定杂交代对 HA 的反应,发现气味结合蛋白基因 *Obp57e* 表达的产物能够使不同果蝇产生对 HA 不同的味觉行为反应。使用绿色荧光蛋白(GFP)标记发现,*D. sechellia* 的 *Obp57e* 基因上游区域有一个 4 bp 的插入序列——CCAT,能够终止 *D. sechellia* 的 *Obp57e* 基因的功能表达。然后,作者用基因敲除技术(Gene Knock-out)分别构建了敲除 *Obp57e* 基因的 D. melanogaster 果蝇 *Obp57e*KO,敲除了 *Obp57d* 基因的果蝇 *Obp57d*KO,以及敲除了这 2 种基因的果蝇 *Obp57d/e*KO。实验发现,*Obp57e*KO 和 *Obp57d*KO 对 HA 和 OA 的反应改变了。分别把 *D. simulans* 及 *D. sechellia* 的 *Obp57d* 基因和 *Obp57e* 基因克隆,再将其导入到 *D. melanogaster* 果蝇 *Obp57d/e*KO 中,结果发现,导入不同种类基因克隆的 *Obp57d/e*KO 在含 HA 或 OA 产卵位点选择中也产生了相应的变化。进一步确认了 *Obp57d* 基因和 *Obp57e* 基因表达的产物影响了 *D. sechellia* 对 HA 和 OA 的味觉感受(丧失了对 HA 和 OA 的驱避性)从而导致其对寄主植物的选择(选择诺丽)。(周东升)(以上文献由王琛柱选编)

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.n