

意大利蜜蜂 lncRNA17000 的时空表达谱与潜在调控作用*

康 婧^{1**} 任亚萍^{1**} 叶道有¹ 王 宁¹ 陈 颖¹ 李峥源¹
徐文华¹ 杨 雪¹ 陈大福^{1,2,3} 邱剑丰^{1,2,3***} 郭 睿^{1,2,3***}

(1. 福建农林大学蜂学与生物医药学院, 福州 350002; 2. 天然生物毒素国家地方联合工程实验室, 福州 350002; 3. 福建农林大学蜂疗研究所, 福州 350002)

摘 要 【目的】旨在探究 lncRNA17000 在意大利蜜蜂 *Apis mellifera ligustica* 工蜂不同组织和发育阶段中的表达模式及其调控作用, 为进一步的功能和机制研究提供基础。【方法】通过 RT-PCR 验证 lncRNA17000 在工蜂不同组织中的表达。采用 RT-qPCR 检测其不同组织和发育阶段的相对表达量。利用 LncTar、Miranda、RNAhybrid 和 TargetScan 等一系列软件分析 lncRNA17000 的顺式、反式和竞争性内源 RNA (Competing endogenous RNA, ceRNA) 调控作用。【结果】在工蜂的脑、触角、毒腺、中肠、表皮、咽下腺和脂肪体 7 个组织中均扩增出符合预期大小 (约 133 bp) 的目的片段。lncRNA17000 在上述 7 个组织中差异表达, 在触角中的表达量最高且显著高于 ($P<0.05$) 脂肪体中的表达量。lncRNA17000 在工蜂的卵、幼虫、预蛹、蛹和成虫中差异表达, 在 7 日龄预蛹中的表达量最高且显著高于 ($P<0.05$) 3 日龄幼虫、8 日龄预蛹和 12 日龄蛹中的表达量。lncRNA17000 在 6、12、15 和 18 日龄成虫体内的表达量显著低于 ($P<0.05$) 1 日龄成虫体内的表达量且表达水平随日龄增长而降低。lncRNA17000 潜在调控 7 个上下游基因的转录和 2 个共表达基因的表达。lncRNA17000 可靶向 45 个 miRNA 进而靶向 66 条 mRNA, 这些靶 mRNA 涉及 23 个 GO 条目和 25 条 KEGG 通路。【结论】lncRNA17000 在意大利蜜蜂工蜂的不同组织和发育阶段中动态差异表达, 在触角和 7 日龄预蛹中特异性高表达; lncRNA17000 可能通过顺式作用调控 TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因转录, 通过反式作用调控蜜蜂翼视蛋白基因表达, 通过 ceRNA 网络靶向多个 miRNA 和 mRNA 进而影响胰岛素、ErbB 和 mTOR 等信号通路。

关键词 意大利蜜蜂; 长链非编码 RNA; lncRNA17000; 时空表达谱; 调控作用

Spatio-temporal expression profile and putative regulatory role of the *Apis mellifera ligustica* lncRNA17000 gene

KANG Jing^{1**} REN Ya-Ping^{1**} YE Dao-You¹ WANG Ning¹ CHEN Ying¹ LI Zheng-Yuan¹
XU Wen-Hua¹ YANG Xue¹ CHEN Da-Fu^{1,2,3} QIU Jian-Feng^{1,2,3***} GUO Rui^{1,2,3***}

(1. College of Bee Science and Biomedicine, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China;

2. National & Local United Engineering Laboratory of Natural Biotoxin, Fuzhou 350002, China;

3. Apitherapy Research Institute of Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China)

Abstract [Aim] To investigate the expression of the lncRNA17000 gene in different tissues and developmental stages of *Apis mellifera ligustica* to provide a foundation for further functional and mechanistic studies of this gene. [Methods] The expression of lncRNA17000 in various tissues was verified by RT-PCR, and its relative expression in different tissues and

*资助项目 Supported projects: 国家自然科学基金面上项目 (32372943, 32172792); 国家现代农业蜂产业技术体系专项资金 (CARS-44-KXJ7); 福建省自然科学基金面上项目 (2022J01133); 福建农林大学硕士生导师团队项目 (郭睿); 福建农林大学科技创新专项基金 (KFb22060XA)

**共同第一作者 Co-first authors, E-mail: kj000213@163.com; renyaping0525@163.com

***共同通讯作者 Co-corresponding authors, E-mail: jfqiu@fafu.edu.cn; ruiguo@fafu.edu.cn

收稿日期 Received: 2024-04-25; 接受日期 Accepted: 2025-01-06

developmental stages was quantified using RT-qPCR. The *cis*, *trans* and competitive, endogenous RNA regulatory roles of lncRNA17000 were analyzed using relevant software. **[Results]** Target fragments of the expected size were amplified in seven tissues of worker bees, including the brain, antennae, venom glands, midgut, epidermis, hypopharyngeal glands, and fat body. lncRNA17000 was differentially expressed in the above seven tissues, with significantly higher expression in the antennae than in the fat body ($P < 0.05$). lncRNA17000 was also differentially expressed in eggs, larvae, prepupae, pupae, and adults, with significantly higher expression in 7-day-old prepupae than in 3-day-old larvae, 8-day-old prepupae, and 12-day-old pupae ($P < 0.05$). lncRNA17000 expression in 6, 12, 15 and 18-day-old adults was significantly lower than in 1-day-old adults ($P < 0.05$), and its expression decreased with age. lncRNA17000 potentially regulates the transcription of seven upstream and downstream genes and the expression of two co-expressed genes. It targets 45 miRNAs, which, in turn, target 66 mRNAs involved in 23 GO terms and 25 KEGG pathways. **[Conclusion]** lncRNA17000 is widely expressed in several tissues and developmental stages of *A. m. ligustica*, but was most highly expressed in the antennae, 7-day-old prepupae and 1-day-old adults. lncRNA17000 is likely to regulate the transcription of the TFIID subunit 11 transcript variant X2 gene in a *cis*-like manner, and to modulate the expression of the pteropsin gene in a *trans*-like manner. It likely targets a series of miRNAs and mRNAs, thereby further regulating the insulin, ErbB and mTOR signaling pathways.

Key words *Apis mellifera ligustica*; long non-coding RNA; lncRNA17000; spatio-temporal expression profile; regulation

长链非编码 RNA (Long non-coding RNA, lncRNA) 是一类含 2 个以上外显子且长度大于 200 nt 的线性 ncRNA 分子, 能通过竞争性内源 RNA (Competing endogenous RNA, ceRNA) 网络、反式作用、顺式作用和编码蛋白等多种方式发挥生物学功能 (Liao *et al.*, 2023)。研究表明, lncRNA 在细胞凋亡、转录调控和癌症发生等众多生命活动中扮演关键角色 (Kopp and Mendell, 2018; Herman *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2022)。目前, lncRNA 在人类和少数模式生物中的功能和机制研究已较为深入, 但昆虫的相关研究仍滞后且有限。Zhou 等 (2022) 通过对革兰氏阴性菌感染后过表达 lncRNA-CR33942 的果蝇 *Drosophila* 进行转录组测序和分析, 发现 lncRNA-CR33942 正调控果蝇免疫缺陷 (Imd) 通路。Wang 等 (2023) 发现 lncRNA26319 可通过与 miR-2834 竞争性结合来调节内吞蛋白 A 基因的 mRNA, 调节卵黄原蛋白 (Vg) 的内吞并影响卵子发育。在西方蜜蜂 *Apis mellifera* 中, lncRNA 潜在参与免疫应答和肠道发育等重要过程 (郭睿等, 2018b; Huang *et al.*, 2021)。例如, Huang 等 (2021) 等通过二代测序发现亚致死剂量呋虫胺显著影响西方蜜蜂工蜂成虫脑中 lncRNA 的表达谱, 荧光原位杂交结果显示脑中特异性高表达 lncRNA TCONS_00086519 主要定位于细胞质, 通过竞争性结合

miRNA 潜在参与成年蜂对杀虫剂胁迫的响应。总体上, 蜜蜂的 lncRNA 研究目前尚处于初级阶段。

蜜蜂是全球性分布的授粉昆虫, 对于维持生态平衡和保证粮食安全具有重要意义 (曾志将, 2003)。意大利蜜蜂 *Apis mellifera ligustica* 作为西方蜜蜂重要亚种, 因其突出的经济性状在全球养蜂生产中被普遍使用。熊翠玲等 (2018) 利用 RNA-seq 技术进行了意大利蜜蜂工蜂中肠中 lncRNA 的系统鉴定和分析, 发现 lncRNA 潜在参与调控工蜂中肠发育及宿主对真菌病原侵染的应答 (郭睿等, 2018b; Ye *et al.*, 2022)。对预测到的意大利蜜蜂 lncRNA 进行表达模式和调控作用分析, 可以为 lncRNA 参与蜜蜂生物学过程并发挥调控功能提供例证和新见解。本研究对前期鉴定到的 lncRNA17000 在意大利蜜蜂工蜂不同组织及发育阶段的表达谱进行检测, 并解析 lncRNA17000 的顺式、反式和 ceRNA 调控作用, 旨在为深入解析 lncRNA 的调控机制及生物学功能提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 供试虫源

蜜蜂取自福建农林大学蜂学与生物医药学院宿主-病原互作机制及精准医学团队的实验蜂群。

1.2 样品制备

挑选群势强盛、发育良好的意大利蜜蜂种群,按照本团队已建立的技术流程(吴鹰等, 2023; 叶亚萍等, 2024)制备工蜂的卵($n=50$)、幼虫(3日龄, $n=3$)、预蛹(7日龄和8日龄, $n=3$)和蛹(12日龄, $n=3$)样品;工蜂成虫的1、2、6、12、15和18日龄样品($n=3$);触角($n=8$)、咽下腺($n=8$)、脑($n=8$)、表皮($n=3$)、中肠($n=3$)、脂肪体($n=8$)和毒腺($n=5$)样品,括号中均为1次生物学重复的样品数。上述实验均设置3次生物学重复。各样品液氮速冻后保存于 -80°C 冰箱备用。

1.3 LncRNA17000 的 RT-PCR 验证

利用 Primer Premier 6 软件设计合成 lncRNA17000 的特异性上下游引物(表1)。参照 RNA 抽提试剂盒操作流程提取各样品的总 RNA,经逆转录获得 cDNA 后进行 PCR 扩增。反应体系和条件参照许雅静等(2022)的报道设置。通过琼脂糖凝胶电泳(1.5%)检测产物,使用国产培清核酸凝胶成像仪进行观察。

1.4 LncRNA17000 的表达谱检测

以 *actin* 基因(GenBank 登录号: 406122)作为内参。用 1.3 节反转录合成的 cDNA,作为模板进行 qPCR 反应。参考文献方法(郭意龙等, 2022)建立 PCR 反应体系及程序,所有实验均设3个技术重复。采用 $2^{-\Delta\Delta\text{Ct}}$ 法进行相对定量分析, GraphPad Prism 8 软件作图。

1.5 LncRNA17000 的顺式和反式调控作用分析

参照熊翠玲等(2018)的方法,以 lncRNA 基因组位点为中心,鉴定其上下游 10 kb 区域内的编码基因作为候选顺式作用靶标。利用 OmicsShare 在线分析平台上的相关工具对上述靶基因进行 GO 功能注释和 KEGG 通路富集分析。按照本团队建立的分析方法(周丁丁等, 2020; 李坤泽等, 2024),利用 LncTar 软件预测 lncRNA17000 靶向的 mRNA,筛选与 lncRNA17000 表达相关性较高的 mRNA (Pearson 相关系数 >0.87)作为其潜在的反式作用靶标。

表 1 本研究使用的引物信息概要
Table 1 Summary of primers used in this work

名称 Name	序列 (5'-3') Sequence (5'-3')	用途 Purpose
lncRNA17000-F	GAGAGTGGATGTTGATTGGCAT	PCR, RT-qPCR
lncRNA17000-R	TTCATCACAGAATCCTCGTTGG	
<i>actin</i> -F	CCTAGCACCATCCACCATGAA	RT-qPCR
<i>actin</i> -R	GAAGCAAGAATTGACCCACCAA	

1.6 LncRNA17000 的 ceRNA 调控作用分析

基于郭睿等(2018a)的方法,使用3种软件(Miranda、RNAhybrid 和 TargetScan)对 lncRNA17000 的潜在靶 miRNA 及其下游靶 mRNA 进行预测。根据预测结果构建 lncRNA17000-miRNA-mRNA 调控网络,进而通过 Cytoscape 软件可视化,采用默认参数。

1.7 数据分析

使用 SPSS Statistics 23 软件进行单因素方差

分析(ANOVA)。组间比较使用 Tukey 检验法,并用字母标记法表示差异显著性,以 $P < 0.05$ 为显著性阈值。

2 结果与分析

2.1 意大利蜜蜂工蜂组织中 lncRNA17000 的表达验证

琼脂糖凝胶电泳结果显示,在意大利蜜蜂工蜂7个组织中均扩增出符合预期大小(约 133 bp)的目的片段(图1)。

RT-qPCR 检测结果显示, lncRNA17000 在上

述 7 个组织中差异表达 (图 2); lncRNA17000 的表达量在触角中最高且显著高于脂肪体中的表达量 ($P < 0.05$), 高于脑、中肠、咽下腺、表皮和毒腺中的表达量, 但差异并不显著 ($P > 0.05$) (图 2)。

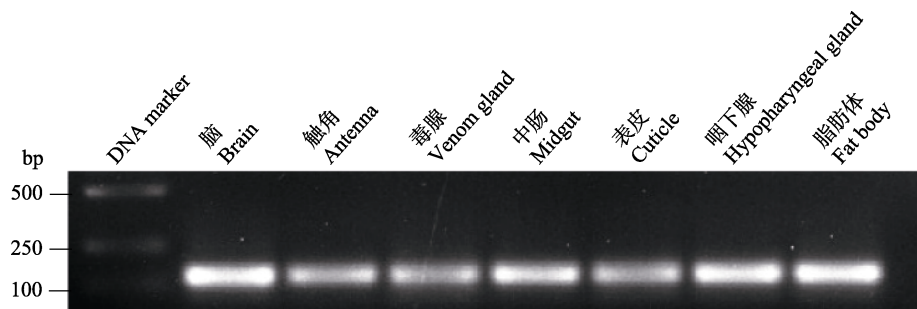


图 1 意大利蜜蜂工蜂 7 个不同组织中 lncRNA17000 扩增产物的琼脂糖凝胶电泳

Fig. 1 Agarose gel electrophoresis for the amplified products from lncRNA17000 in 7 tissues of *Apis mellifera ligustica* worker

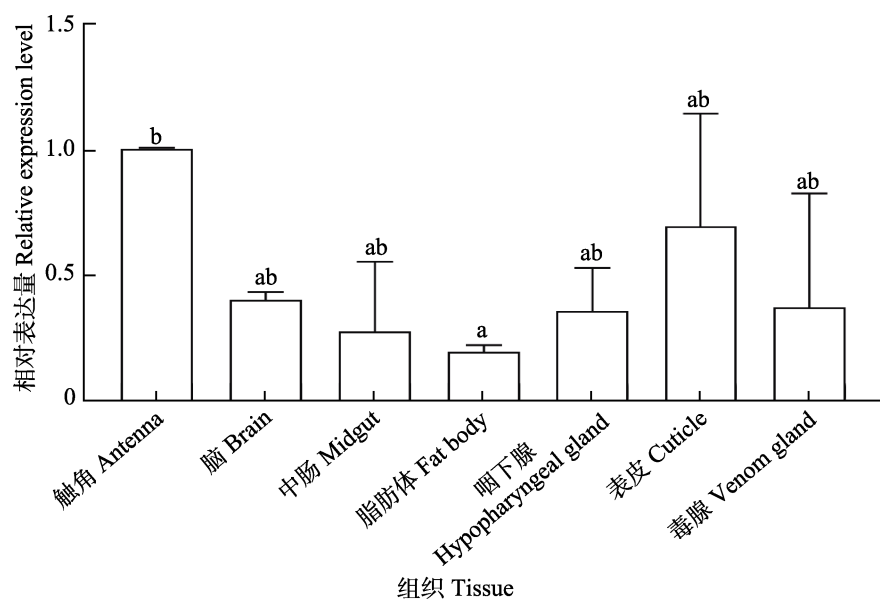


图 2 lncRNA17000 在意大利蜜蜂工蜂 7 个不同组织中的相对表达量

Fig. 2 Relative expression level of lncRNA17000 in 7 different tissues of *Apis mellifera ligustica* worker

图中数据以均值+标准误表示, 不同字母标记表示组间存在差异显著 ($P < 0.05$, Tukey 氏检验)。下图同。
Values in the figure are mean+SE. Different letter marks indicate significant differences between groups ($P < 0.05$, Tukey's test). The same below.

2.2 意大利蜜蜂不同发育阶段 lncRNA17000 的相对表达量

RT-qPCR 检测结果显示, lncRNA17000 在工蜂的 5 个不同发育阶段均呈现差异性表达 (图 3: A, B); lncRNA17000 的表达量在 7 日龄预蛹中最高且显著高于羽化前其他阶段的表达量 ($P < 0.05$) (图 3: A); 在成虫期, lncRNA17000 在 6、12、15 和 18 日龄的表达量均显著低于 ($P < 0.05$)

1 日龄表达量 (图 3: B); lncRNA17000 的表达量随成虫日龄增长而降低 (图 3: B)。

2.3 意大利蜜蜂 lncRNA17000 的顺式和反式调控作用

顺式作用分析显示, lncRNA17000 潜在调控 7 个上下游基因包括: 转录起始因子 TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因和丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X1-X5 及 X7 基因 (表 2)。反式作用分析

显示, lncRNA17000 与共表达的 1 条 mRNA(蜜蜂翼视蛋白转录变体 X3) 具有正相关关系, 与 共表达的 1 条 mRNA (蜜蜂 DNA 甲基转移酶 1 相关蛋白 1) 具有负相关关系。

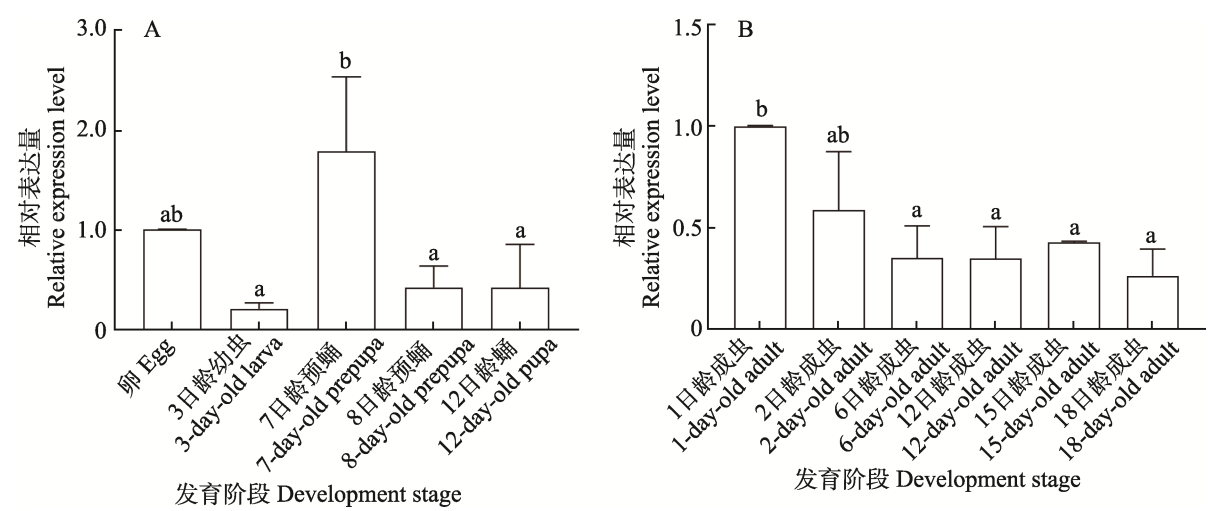


图 3 意大利蜜蜂工蜂不同发育阶段 lncRNA17000 的相对表达量

Fig. 3 Relative expression level of lncRNA17000 in various developmental stages of *Apis mellifera ligustica* worker

A. 羽化前发育阶段; B. 成虫发育阶段。 A. Pre-feathering developmental stages; B. Adult developmental stages.

表 2 意大利蜜蜂 lncRNA17000 顺式调控的上下游基因概览

Table 2 Overview of upstream and downstream genes regulated by *Apis mellifera ligustica* lncRNA17000 in a cis-acting manner

基因 ID Gene ID	Nr 数据库注释 Nr database annotation	上下游 Upstream or downstream	距离 (nt) Distance (nt)
XM_006570564.2	转录起始因子 TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因 Transcription initiation factor TFIID subunit 11, transcript variant X2	重叠 Overlap	- 1
XM_006570556.2	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X3 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X3	重叠 Overlap	- 1
XM_006570557.2	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X4 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X4	重叠 Overlap	- 1
XM_006570558.2	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X5 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X5	重叠 Overlap	- 1
XM_006570560.2	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X7 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X7	重叠 Overlap	- 1
XM_006570555.2	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X1 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X1	下游 Downstream	3 073
XM_001120829.4	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶三角亚型 X2 基因 Serine/threonine-protein kinase tricornet, transcript variant X2	下游 Downstream	3 339

2.4 意大利蜜蜂 lncRNA17000 的 ceRNA 调控作用

lncRNA17000 通过靶向 45 个 miRNA 调控 66 条 mRNA, 三者间构成复杂的 ceRNA 调控网络(图 4)。这些靶 mRNA 可注释到生物学进程、

细胞组分和分子功能 23 个 GO 条目 (图 5: A); 如图 5 (B) 所示, 上述靶 mRNA 还可注释到上皮细胞的细菌侵入、ErbB 信号通路、寿命调节通路、胰岛素信号通路、mTOR 信号通路和吞噬体等 25 条 KEGG 通路。

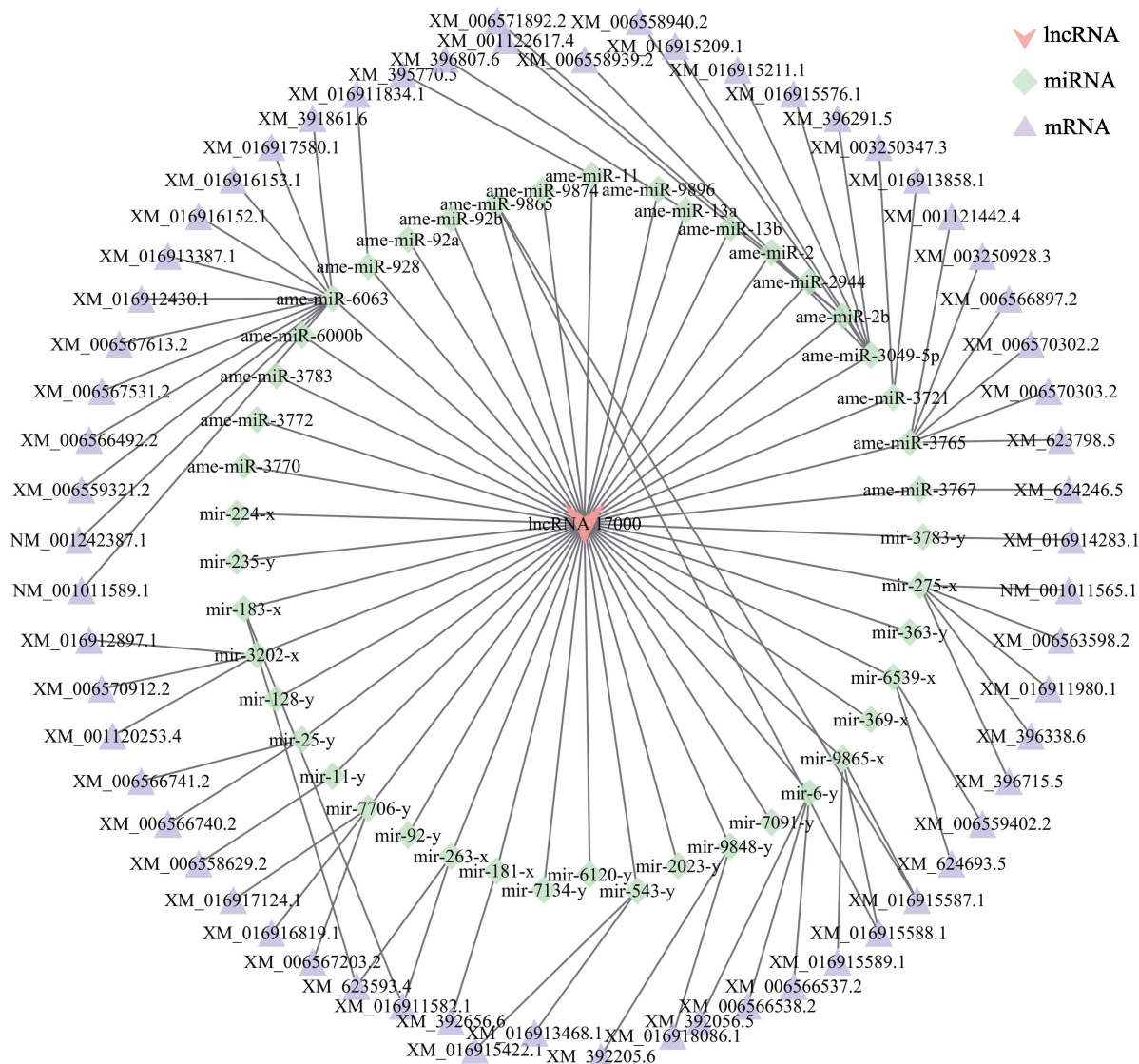


图 4 意大利蜜蜂 lncRNA17000 参与的 ceRNA 调控网络

Fig. 4 *Apis mellifera ligustica* lncRNA17000-engaged ceRNA regulatory network

3 讨论

昆虫 lncRNA 的表达具有组织特异性 (Zhang *et al.*, 2022)。Li 等 (2020) 利用 RNA-seq 技术对瓜实蝇 *Zeugodacus cucurbitae* 不同组织或器官进行测序和分析, 发现 lncRNA 在中肠、马氏管、脂肪体、卵巢和睾丸等多种组织中呈现差异性表达, 在马氏管与睾丸中特异性高表达。昆虫依赖触角感知来自外界环境的各种信号, 经神经传导和协调处理后作出应答, 进而产生相应的行为 (许在福, 2009)。本研究发现 lncRNA17000 在工蜂的 7 个不同组织中均有表达 (图 1), 证实

lncRNA17000 的功能具有广泛性。此外, lncRNA17000 在触角中的表达量最高 (图 2), 推测 lncRNA17000 参与调控意大利蜜蜂工蜂的感觉信号传导和环境适应过程。

白背飞虱 *Sogatella furcifera* 的 lncRNA 在胚胎、若虫和成虫阶段的表达模式差异明显, 表现出发育阶段特异性 (Chang *et al.*, 2020)。在按蚊 *Anopheles gambiae* 中, 同一条 lncRNA 在 1 龄和 3 龄幼虫体内的表达水平也存在差异 (Jenkins *et al.*, 2015)。蜜蜂预蛹期会经历内部器官的重塑, 头、胸、腹三部分逐渐分区明显, 显露附肢和翅膀, 同时体色变深, 逐渐发育为成熟蛹, 脱

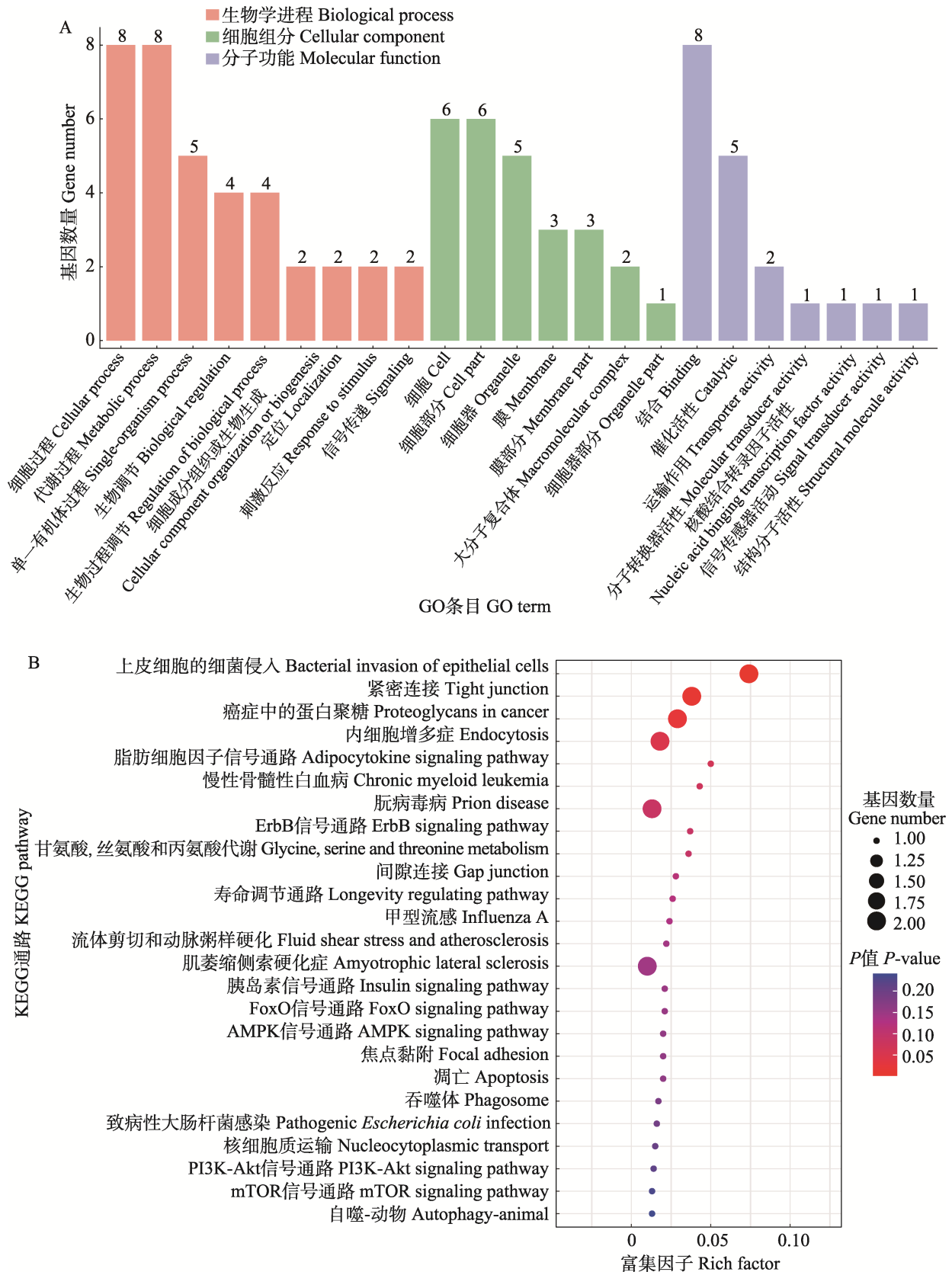


图 5 lncRNA17000 的靶 mRNA 注释的 GO 条目 (A) 和 KEGG 通路 (B)

Fig. 5 GO terms (A) and KEGG pathways (B) annotated by target mRNAs of lncRNA17000

下蛹壳后咬破巢房封盖,进而羽化为成蜂(曾志将, 2007)。本研究发现, lncRNA17000 在工蜂的 5 个不同发育阶段均有表达,说明 lncRNA17000 在工蜂的发育过程中广泛发挥调控作用。另外, lncRNA17000 在 7 日龄预蛹中表达量最高且显著高于羽化前其他阶段(3 日龄幼虫、8 日龄和 12 日龄蛹中)的表达量(图 3: A),表明 lncRNA17000 在意大利蜜蜂工蜂的预蛹期发挥重要调控功能,值得进一步深入研究。lncRNA17000 在 1 日龄成虫体内的表达水平最高且表达量随成虫日龄增长而降低(图 3: B),暗示 lncRNA17000 在调控成虫发育方面的重要性。下一步拟利用本团队付中民等(2023)建立的 RNAi 技术流程探究 lncRNA17000 调控意大利蜜蜂变态发育的分子机理。

lncRNA 不仅能通过顺式作用调节上下游基因的转录,还可以通过反式作用调控共表达基因(Liao *et al.*, 2023)。Wang 等(2022)发现家蚕 *Bombyx mori* 中的反义 lncRNA Bmdsx-AS1 通过调控性别决定基因 *Bmdsx* 的 mRNA 前体剪接过程,以顺式作用影响雄性家蚕外生殖器发育并调控 EGFR 信号通路。本研究发现,TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因位于 lncRNA17000 的上游,暗示 lncRNA17000 可通过顺式作用潜在调控 TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因的转录过程。蜜蜂翼视蛋白(Pteropsin)是一种在蜜蜂大脑中表达的脊椎动物样非视觉视蛋白,视蛋白的多样化特化为特定波长行为和色觉的发展提供了基础(Velarde *et al.*, 2005)。本研究中, lncRNA17000 与蜜蜂翼视蛋白转录变体 X3 mRNA 共表达且二者之间正相关,表明 lncRNA17000 潜在参与调控蜜蜂视觉。

作为一类方式多样的关键调控因子, lncRNA 还能够通过 ceRNA 网络竞争性结合 miRNA,从而影响 miRNA 对下游靶基因的调控(Liao *et al.*, 2023)。研究表明,胰岛素和 mTOR 信号通路在调节果蝇营养依赖性生长速率中起到关键作用(Frappalo and Giansanti, 2023)。当昆虫幼虫受到营养限制时,会出现发育历期和羽化时间的改变等适应性生物学反应(Nijhout, 2003)。本研究发现, lncRNA17000 可能通过 ceRNA 网络靶向

45 个 miRNA 调控 66 条 mRNA(图 4),上述靶 mRNA 不仅参与信号传导、应激反应和信号感受器活动等生长发育和信号处理相关 GO 条目,还涉及寿命调节、胰岛素信号通路、ErbB 信号通路和 mTOR 信号通路等 KEGG 通路。此外,3 个靶 mRNA 与上皮细胞的细菌侵入、吞噬体等免疫通路(图 5: B)。推测 lncRNA17000 参与调节工蜂的生长发育、信号转导和免疫防御等过程。

本研究中, lncRNA17000 在意大利蜜蜂工蜂的多个组织和不同发育阶段中广泛表达,在触角和 7 日龄预蛹中特异性高表达; lncRNA17000 可能通过顺式作用调控上游基因 TFIID 亚基 11 亚型 X2 基因转录,通过反式作用调控蜜蜂翼视蛋白基因表达,通过 ceRNA 网络靶向多个 miRNA 和 mRNA 进而影响胰岛素、ErbB 和 mTOR 等信号通路。

参考文献 (References)

- Chang ZX, Ajayi OE, Guo DY, Wu QF, 2020. Genome-wide characterization and developmental expression profiling of long non-coding RNAs in *Sogatella furcifera*. *Insect Science*, 27(5): 987–997.
- Fu ZM, Gu XY, Hu Y, Zhao HD, Zhu ZW, Zhang HY, Ji T, Niu QS, Chen DF, Guo R, 2023. lncRNA13164 regulates immune response of *Apis cerana cerana* larvae to *Ascosphaera apis* infection via ace-miR-4968-y. *Acta Microbiologica Sinica*, 63(3): 1047–1059. [付中民, 顾小雨, 胡颖, 赵浩东, 祝智威, 张浩宇, 吉挺, 牛庆生, 陈大福, 郭睿, 2023. lncRNA13164 通过 ace-miR-4968-y 调节中华蜜蜂幼虫对蜜蜂球囊菌感染的免疫应答. 微生物学报, 63(3): 1047–1059.]
- Frappalo A, Giansanti MG, 2023. Using *Drosophila melanogaster* to dissect the roles of the mTOR signaling pathway in cell growth. *Cells*, 12(22): 2622.
- Guo R, Chen HZ, Xiong CL, Zheng YZ, Fu ZM, Xu GJ, Du Y, Wang HP, Geng SH, Zhou DD, Liu SY, Chen DF, 2018a. Analysis of differentially expressed circular RNAs and their regulation networks during the developmental process of *Apis mellifera ligustica* worker's midgut. *Scientia Agricultura Sinica*, 51(23): 4575–4590. [郭睿, 陈华枝, 熊翠玲, 郑燕珍, 付中民, 徐国钧, 杜宇, 王海朋, 耿四海, 周丁丁, 刘思亚, 陈大福, 2018a. 意大利蜜蜂工蜂中肠发育过程中的差异表达环状 RNA 及其调控网络分析. 中国农业科学, 51(23): 4575–4590.]
- Guo R, Geng SH, Xiong CL, Zheng YZ, Fu ZM, Wang HP, Du Y,

- Tong XY, Zhao HX, Chen DF, 2018b. Differential expression analysis of long non-coding RNAs during the developmental process of *Apis mellifera ligustica* worker's midgut. *Scientia Agricultura Sinica*, 51(18): 3600–3613. [郭睿, 耿四海, 熊翠玲, 郑燕珍, 付中民, 王海朋, 杜宇, 童新宇, 赵红霞, 陈大福, 2018b. 意大利蜜蜂工蜂中肠发育过程中长链非编码 RNA 的差异表达分析. 中国农业科学, 51(18): 3600–3613.]
- Guo YL, Yu KJ, Zhao X, Qian JJ, Zhao HD, Zhang J, Zhang Y, Zhao HX, Xu XJ, Luo Q, Chen DF, Guo R, 2022. Bioinformatic analysis and functional study of *nkd* gene in larvae of *Apis mellifera ligustica* workers. *Acta Microbiologica Sinica*, 62(12): 5005–5017. [郭意龙, 余尚骏, 赵萧, 钱加珩, 赵浩东, 张婕, 张扬, 赵红霞, 徐细建, 骆群, 陈大福, 郭睿, 2022. 意大利蜜蜂工蜂幼虫 *nkd* 基因的生物信息学分析及功能研究. 微生物学报, 62(12): 5005–5017.]
- Herman AB, Tsitsipatis D, Gorospe M, 2022. Integrated lncRNA function upon genomic and epigenomic regulation. *Molecular Cell*, 82(12): 2252–2266.
- Huang MJ, Dong J, Guo HK, Xiao MH, Wang DQ, 2021. Identification of long noncoding RNAs reveals the effects of dinotefuran on the brain in *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae). *BMC Genomics*, 22(1): 502.
- Jenkins AM, Waterhouse RM, Muskavitch MAT, 2015. Long non-coding RNA discovery across the genus *Anopheles* reveals conserved secondary structures within and beyond the Gambiæ complex. *BMC Genomics*, 16(1): 337.
- Kopp F, Mendell JT, 2018. Functional classification and experimental dissection of long noncoding RNAs. *Cell*, 172(3): 393–407.
- Li KZ, Song YX, Li JX, Zang H, Feng PL, Liu XY, Feng RR, Liu CZ, Chen DF, Fu ZM, Guo R, 2024. Regulatory role predication and spatiotemporal expression profiling of lncRNA16999 in *Apis mellifera ligustica*. *Acta Entomologica Sinica*, 67(11): 1484–1493. [李坤泽, 宋宇轩, 李婧嫻, 臧贺, 冯佩林, 刘小玉, 冯睿蓉, 刘彩珍, 陈大福, 付中民, 郭睿, 2024. 意大利蜜蜂 lncRNA16999 的调控作用预测和时空表达谱分析. 昆虫学报, 67(11): 1484–1493.]
- Li WJ, Song YJ, Han HL, Xu HQ, Wei D, Smagghe G, Wang JJ, 2020. Genome-wide analysis of long non-coding RNAs in adult tissues of the melon fly, *Zeugodacus cucurbitae* (Coquillett). *BMC Genomics*, 21(1): 600.
- Liao XM, Ruan XX, Yao PS, Yang D, Wu XB, Zhou X, Jing J, Wei DF, Liang YD, Zhang TC, Qin SY, Jiang HX, 2023. LncRNA-Gm9866 promotes liver fibrosis by activating TGF β /Smad signaling via targeting Fam98b. *Journal of Translational Medicine*, 21(1): 778.
- Nijhout HF, 2003. The control of body size in insects. *Developmental Biology*, 261(1): 1–9.
- Velarde RA, Sauer CD, Walden KKO, Fahrbach SE, Robertson HM, 2005. Pteropsin: A vertebrate-like non-visual opsin expressed in the honey bee brain. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 35(12): 1367–1377.
- Wang Y, Fu Y, Cheng H, Zhao CY, Huang QX, Chang ML, Qiu WJ, Shen YW, Li DD, 2023. lncR26319/miR-2834/EndophilinA axis regulates oogenesis of the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Science*, 30(1): 65–80.
- Wang KX, Chen CB, Wan QX, Zha XF, 2022. Long non-coding RNA Bmdsx-AS1 effects on male external genital development in silkworm. *Insects*, 13(2): 188.
- Wu Y, Liu ZT, Zhao HD, Guo SJ, Liu XY, Zhang YQ, Feng PL, Zhao HX, Xu XJ, Chen DF, Fu ZM, Guo R, 2023. Gene cloning, polyclonal antibody preparation, and expression pattern of m⁶A methyltransferase in *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae). *Acta Entomologica Sinica*, 66(7): 885–895. [吴鹰, 刘治滩, 赵浩东, 郭思佳, 刘小玉, 张艺琼, 冯佩林, 赵红霞, 徐细建, 陈大福, 付中民, 郭睿, 2023. 西方蜜蜂 m⁶A 甲基转移酶的基因克隆、多克隆抗体制备及表达模式. 昆虫学报, 66(7): 885–895.]
- Xiong CL, Geng SH, Wang XR, Liu SY, Chen DF, Zheng YZ, Fu ZM, Du Y, Wang HP, Chen HZ, Zhou DD, Guo R, 2018. Prediction, analysis and identification of long non-coding RNA in the midguts of *Apis mellifera ligustica* workers. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 55(6): 1034–1044. [熊翠玲, 耿四海, 王心蕊, 刘思亚, 陈大福, 郑燕珍, 付中民, 杜宇, 王海朋, 陈华枝, 周丁丁, 郭睿, 2018. 意大利蜜蜂工蜂中肠的长链非编码 RNA 的预测、分析及鉴定. 应用昆虫学报, 55(6): 1034–1044.]
- Xu YJ, Sun MH, Liu JM, Guo YL, Hu Y, Zhang JX, Zhao X, Zhang KY, Xiong CL, Chen DF, Guo R, 2022. Differential expression profiles and potential function of piRNA in *Apis mellifera ligustica* workers under *Nosema ceranae* stress. *Journal of Sichuan University (Natural Science Edition)*, 59(3): 178–186. [许雅静, 孙明会, 刘佳美, 郭意龙, 胡颖, 张佳欣, 赵萧, 张凯遥, 熊翠玲, 陈大福, 郭睿, 2022. 东方蜜蜂微孢子虫胁迫下意大利蜜蜂工蜂的 piRNA 差异表达谱及潜在功能. 四川大学学报(自然科学版), 59(3): 178–186.]
- Ye YP, Fan XX, Long Q, Wang J, Zhang WD, Cai ZB, Sun MH, Gu XY, Zou PY, Chen DF, Guo R, 2022. Comprehensive investigation and regulatory function of lncRNAs engaged in western honey bee larval immune response to *Ascosphaera apis* invasion. *Frontiers in Physiology*, 13: 1082522.
- Ye YP, Liu ZT, Li QM, Zang H, Feng PL, Wang N, Wang J, Huang

- ZJ, Chen DF, Guo R, 2024. Molecular properties, spatio-temporal expression profiles and antibody preparation of AmAGO1 protein of *Apis mellifera*. *Acta Entomologica Sinica*, 67(1): 18–28. [叶亚萍, 刘治滩, 李琪明, 臧贺, 冯佩林, 王宁, 王杰, 黄枳隼, 陈大福, 郭睿, 2024. 西方蜜蜂 AmAGO1 蛋白的分子特性、时空表达谱及抗体制备. *昆虫学报*, 67(1): 18–28.]
- Zeng ZJ, 2003. *Apiculture*. Beijing: China Agriculture Press. 92–95. [曾志将, 2003. 养蜂学. 北京: 中国农业出版社. 92–95.]
- Zeng ZJ, 2007. *Biology of the Honeybee*. Beijing: China Agriculture Press. 35–36. [曾志将, 2007. 蜜蜂生物学. 北京: 中国农业出版社. 35–36.]
- Zhang PW, Wu S, He YX, Li XR, Zhu Y, Lin XT, Chen L, Zhao Y, Niu LL, Zhang SH, Li XW, Zhu L, Shen LY, 2022. LncRNA-mediated adipogenesis in different adipocytes. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(13): 7488.
- Zhou DD, Shi XY, Wang J, Fan YC, Zhu ZW, Jiang HB, Fan XX, Xiong CL, Zheng YZ, Fu ZM, Xu GJ, Chen DF, Guo R, 2020. Investigation of competing endogenous RNA regulatory network and putative function of long non-coding RNAs in *Nosema ceranae* spore. *Scientia Agricultura Sinica*, 53(10): 2122–2136. [周丁丁, 史小玉, 王杰, 范元婵, 祝智威, 蒋海宾, 范小雪, 熊翠玲, 郑燕珍, 付中民, 徐国钧, 陈大福, 郭睿, 2020. 东方蜜蜂微孢子虫孢子中链非编码 RNA 的竞争性内源 RNA 调控网络及潜在功能. *中国农业科学*, 53(10): 2122–2136.]
- Zhou HJ, Wu SS, Liu L, Li RM, Jin P, Li SJ, 2022. *Drosophila* relish activating lncRNA-CR33942 transcription facilitates antimicrobial peptide expression in imd innate immune response. *Frontiers in Immunology*, 13: 905899.



封面介绍

大筒喙象 *Lixus divaricatus* Motschulsky, 1861

身体黑色, 被覆灰毛和黄色粉末。喙细长, 长于前胸背板, 粗略等于前足腿节, 端部略扩大, 稍弯, 散布大小不等的刻点, 中隆线不明显, 触角着生点之间有短沟, 基部有一横洼。鞘翅宽于前胸, 两侧平行, 每一鞘翅突出成一细尖, 端部深深开裂; 行间 9-10 被覆较密的灰毛, 行间 3 和 5 的毛也较密, 行间 3 和 9 在端部前连合, 并在端部前凸隆, 行纹明显, 刻点较大而深, 奇数行间略较宽, 表面有皱纹。足和腹部密被灰毛, 腹部前二和三节散布刻点, 末节中间有短沟。

本期封面照片是在大别山区生物多样性综合科学考察中, 于 2023 年 7 月 5 日拍摄于安徽省六安市霍山县白马尖保护区, 成虫正在取食伞形科植物的茎秆。

感谢大别山区生物多样性综合科学考察 (2019FY101800) 项目资助。

(姜春燕, 中国科学院动物研究所)