附件4

“新实践与新进展”部分范文

大草蛉感觉神经元膜蛋白(SNMP)基因克隆与表达研究[[1]](#footnote-1)\*

Gene Cloning and Expression Analysis of Sensory Neuron Membrane Protein Gene from *Chrysopa pallens*

王娟[[2]](#footnote-2)\*\* 张礼生 王孟卿 刘晨曦[[3]](#footnote-3)\*\*\* 陈红印\*\*\*

（中国农业科学院植物保护研究所，农业部作物有害生物综合治理重点实验室，北京 100193）

关键词：大草蛉；触角；感觉神经元膜蛋白；RACE PCR；荧光定量

　　大草蛉是一种非常优良的天敌资源，在自然界对多种害虫种群数量的消长有显著的控制效果，其主要捕食蚜虫、粉虱、螨类、小型鳞翅目幼虫、蓟马、介壳虫和斑潜蝇的幼虫等。然而，成虫释放之后易飞离靶标区域，形成“无天敌”空间。因此，对大草蛉嗅觉系统的深入研究，明确其嗅觉识别机制，研究引诱大草蛉的信息化学物质，对促进其在农田生态系统中的重要生物防治作用至关重要。通过RACE PCR的方法克隆了大草蛉SNMP基因全长序列，并对其进行了生物信息学分析。利用荧光定量qRT-PCR技术研究了大草蛉SNMP基因在成虫不同组织、不同发育阶段的触角、以及交配前后在触角中的表达情况，同时对大草蛉1-3龄幼虫中SNMP基因的表达情况也做了相关研究。克隆得到了大草蛉感觉神经元膜蛋白SNMP基因全长，BLASTx比对发现其与多种昆虫SNMP2序列比对上，因此，将该SNMP基因命名为CpalSNMP2。序列分析表明，CpalSNMP2编码区全长1716bp，其mRNA编码的蛋白为571个氨基酸。预测的蛋白分子量为65.06 kDa，等电点为5.25。采用TMHMM程序预测CpalSNMP2蛋白的跨膜区，结果表明其具有两个跨膜区，分别位于N端和C端。亲脂性分析该蛋白包含有几个疏水区域，主要分布于N端和C端。序列比对结果显示，不同目昆虫SNMP2蛋白序列之间存在几个保守位点，且序列相似性为48.51 %。包括转录组鉴定得到的CpalSNMP1序列在内的系统发育进化树结果显示来自不同目的所有昆虫SNMPs被分为两种SNMP家族基因，分别是SNMP1和SNMP2，CpalSNMP1和CpalSNMP2分别聚在进化枝SNMP1和SNMP2中。qRT-PCR结果显示CpalSNMP2在雌、雄触角及翅膀中表达量显著高于在其他组织中的表达量，其次在腹部和胸部的表达量也较高，在头部和足中的表达量最少。其中在雄虫翅中的表达量是在雌虫翅中表达量的2.0倍（p<0.05）。此外，在成虫雌、雄触角中表达量均显著高于幼虫期表达量。对其在成虫不同发育阶段的触角（第1日龄、第10日龄、第25日龄的成虫雌、雄触角）中的表达量情况研究结果显示随着成虫龄期的增加，CpalSNMP2基因在雌、雄触角中的表达量也随之增加，在成虫25日龄时表达量达到最高。上述研究结果旨在明确大草蛉CpalSNMP2基因表达分布特征的基础上，推测其可能的功能，为进一步进行功能研究奠定基础。

1. \* 资助项目：国家自然科学基金项目（31572062）；948重点项目（2011-G4） [↑](#footnote-ref-1)
2. \*\* 第一作者：王娟（1986-），女，博士研究生，研究方向为害虫生物防治，E-mail: wangjuan350@163.com [↑](#footnote-ref-2)
3. \*\*\* 通讯作者：E-mail: [hongyinc@163.com](mailto:hongyinc@163.com)；liuchenxi2004@126.com [↑](#footnote-ref-3)