

枯叶蛾科昆虫马尾松毛虫基因组首次解析

科技日报北京5月11日电（记者马爱平 通讯员宋平 陈力）11日，从中国林科院获悉，该院专家成功构建出包含30条染色体的马尾松毛虫高质量基因组，日前该成果在《分子生态资源》杂志在线发表。这是枯叶蛾科昆虫的首次基因组解析，将为马尾松毛虫和其他枯叶蛾科昆虫的功能和进化研究提供重要依据。

马尾松毛虫是我国发生范围最广、危害面积最大的针叶林食叶害虫，其幼虫取食松针。虫害爆发期间连片松林在数日内被蚕食精光，远看枯黄、焦黑，如同火烧一般，被称为“不冒烟的森林火灾”。但从松毛虫内部分子机理探索其成灾机理目前还鲜有报道。

该研究通过对马尾松毛虫的基因组进化、基因扩张收缩分析后发现，马尾松毛虫有2104个基因家族发生扩张，1900个基因家族发生收缩。扩增的基因家族中与外源化合物降解和解毒系统相关的基因显著富集。进一步分析发现，马尾松毛虫和欧洲重要针叶林食叶害虫松异舟蛾同样有细胞色素

P450 基因的扩张现象,表明马尾松毛虫 P450 基因,尤其是 CYP3 家族基因可能与松针抗性化合物的耐受性有关。

论文第一作者、中国林科院副研究员张苏芳表示,马尾松树体本身分泌的松脂、松香等化合物在物理性和化学性上能阻挡大部分害虫对其危害,但松毛虫却可以依附其生存,并在大面积爆发后造成不可挽回的经济损失和生态破坏。从基因水平上研究分析松毛虫的成灾机理,掌握其演变发生规律,控制害虫的种群数量,或将达到“虫不成灾”的防控目的。