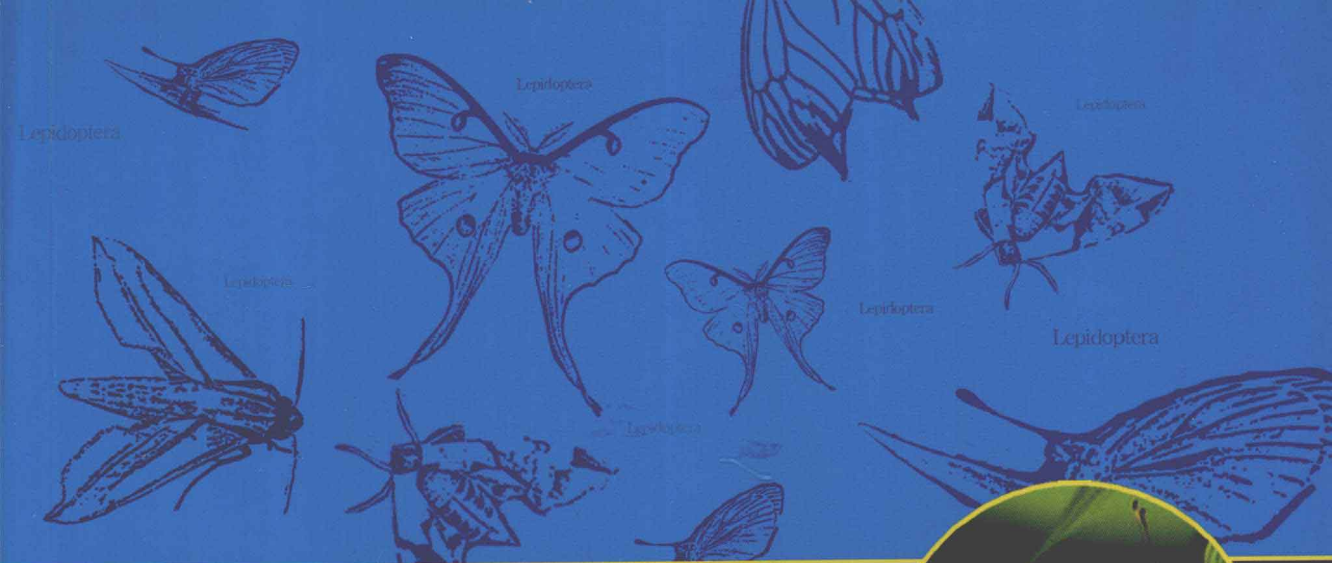




Molecular Biology and Genetics of the Lepidoptera
Marian R. Goldsmith František Marec



鳞翅目昆虫的 分子生物学和遗传学

❖ 第一版 ❖

玛丽安·戈德史密斯 弗兰蒂塞克·马莱克 编著
何宁佳 主译



西南师范大学出版社
全国百佳图书出版单位 国家一级出版社



CRC Press
Taylor & Francis Group

鳞翅目昆虫的 分子生物学和遗传学

玛丽安·戈德史密斯 弗兰蒂塞克·马莱克 编著

何宁佳 主译



西南师范大学出版社
国家一级出版社 全国百佳图书出版单位



CRC Press
Taylor & Francis Group

Molecular Biology and Genetics of the Lepidoptera / by Marian R. Goldsmith and František Marec /
ISBN: 978-1-4200-6014-0

© 2010 by Taylor and Francis Group, LLC

Authorized translation from English language edition published by CRC Press, part of Taylor & Francis Group, LLC; All rights reserved; 本书原版由 Taylor & Francis 出版集团旗下, CRC 出版公司出版, 并经其授权翻译出版, 版权所有, 侵权必究。

Southwest China Normal University Press is authorized to publish and distribute exclusively the Chinese (Simplified Characters) language edition. This edition is authorized for sale throughout Mainland of China. No part of the publication may be reproduced or distributed by any means, or stored in a database or retrieval system, without the prior written permission of the publisher. 本书中文简体翻译版授权由西南师范大学出版社独家出版并限在中国大陆地区销售。未经出版者书面许可, 不得以任何方式复制或发行本书的任何部分。

Copies of this book sold without a Taylor & Francis sticker on the cover are unauthorized and illegal. 本书封面贴有 Taylor & Francis 公司防伪标签, 无标签者不得销售。

版贸核渝字(2010)第 229 号

图书在版编目(CIP)数据

鳞翅目昆虫的分子生物学和遗传学/(美)戈德史密斯, (捷克)马莱克编著; 何宁佳主译. —重庆: 西南师范大学出版社, 2010.12

ISBN 978-7-5621-5079-4

I. ①鳞… II. ①戈… ②马… ③何… III. ①鳞翅目一分子生物学②鳞翅目一分子遗传学 IV. ①Q969.42

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2010)第 214434 号

鳞翅目昆虫的分子生物学和遗传学

Marian R. Goldsmith František Marec 编著

何宁佳 主译

出版人: 周安平

责任编辑: 杜珍辉 任志林 伯古娟 卢旭

书籍设计:  周娟 尹恒

出版发行: 西南师范大学出版社

印刷: 重庆科情印务有限公司

开本: 787 mm×1092 mm 1/16

印张: 25.75

插页: 8

字数: 580 千字

版次: 2011 年 3 月第 1 版

印次: 2011 年 3 月第 1 次

书号: ISBN 978-7-5621-5079-4

定价: 56.00 元

作者简介

玛丽安·戈德史密斯:美国罗德岛大学生物科学系主任、教授。她与福蒂斯·卡法托斯(Fotis Kafatos)一道在1988年发起成立了国际鳞翅目分子生物学和遗传学研讨会。该研讨会每隔两到三年在希腊的克里姆帕里(Kolympari)召开,届时各国从事鳞翅目昆虫研究的科学家汇聚一堂,参加这个在世界上独一无二的研讨会。作为使用分子生物学工具来进行研究的遗传学家,戈德史密斯早期的研究以家蚕为模式系统。1972年她在哈佛大学跟随福蒂斯·卡法托斯做博士后研究期间,经过了两个月在日本蚕桑实验站(现更名为日本国立农业生物科学研究所 NIAS)与伊藤敏雄和位于三岛的日本国立遗传研究所的田岛弥太郎合作研究后(由美国国家科学基金资助),她首次把家蚕引入福蒂斯·卡法托斯的实验室,从事其卵壳蛋白的表达和调控研究。随后,利用多次的休假和短期访问的机会,玛丽安与日本九州大学的坂口文吾、土井良宏,日本国立健康研究所(东京)的前川秀彰,日本国立蚕丝昆虫研究所(筑波)的田村秀树、原和二郎,东京大学的小林正彦、岛田透建立了研究合作关系。1997~1998年她作为访问教授在东京大学工作。与此同时,她与 NIAS 的三田和英在家蚕的基因组计划的实施中建立了长期的合作关系。近年来,作为客座教授的她与中国上海植物生理生态研究所的黄永平、苗雪霞一道开发了针对复杂形状的作图和定位克隆工具。她是美国科学促进会成员。因在家蚕卵壳蛋白基因分子遗传学研究中所作出的科学贡献,她获得了2002年度日本蚕丝学会奖。她与亚当·威尔金斯在1995年共同编著了由剑桥大学出版社出版的《鳞翅目昆虫分子模式系统》一书。

弗兰蒂塞克·马莱克:捷克共和国契斯凯巴德杰维契捷克科学院生物中心昆虫研究所的资深研究员,南波黑米亚大学科学学院分子细胞生物学和遗传学教授。从1990年起成为德国洪堡基金会资助的研究员。当他在1991~1992年和1998年以洪堡学者的身份工作时,与德国吕贝克医科大学生物研究所的瓦尔特·特劳特建立了长期的合作关系。在20世纪90年代末,他与北海道大学(日本札幌)应用生物学实验室的佐原健建立了紧密的合作关

系。与多数遗传学家一样,他最初研究果蝇,对突变遗传学感兴趣,但不久就迷上了鳞翅目昆虫的遗传学。他早期的研究兴趣包括采用化学和辐射突变的方法开发针对鳞翅目害虫的遗传控制策略、鳞翅目物种抗离子射线的染色体机制,以及减数分裂染色体配对中联会复合体的形成(该复合体是一个特殊的核结构,介导两条同源染色体的紧密联会)。他大部分早期工作是在地中海粉螟中完成的,地中海粉螟在遗传研究中是仅次于家蚕的第二大鳞翅目模式生物。他最近的研究集中在昆虫端粒的分子结构上、昆虫端粒 DNA 重复序列的种系发生,以及用先进的分子细胞遗传学的方法研究鳞翅目性染色体的分子分化和进化。此外,他与联合国粮农组织(FAO)和国际原子能机构(IAEA)成立的核技术粮农应用联合司(Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture,奥地利,维也纳)属下的害虫防治部门合作,采用新方法构建鳞翅目害虫的不育系。借助这种方法,他致力于开发苹果蠹蛾的转基因不育系,旨在产生单雄后代来对这种害虫进行防控。他与美国农业部农业研究局的雅基马农业研究实验室丽萨·列文合作来完成此项工作。

Contributors

Hiroaki Abe

Department of Biological Production
Faculty of Agriculture
Tokyo University of Agriculture and Technology
Tokyo, Japan

Joaquin Baixeras

Cavanilles Institute of Biodiversity and
Evolutionary Biology
University of Valencia
Valencia, Spain

Philip Batterham

Department of Genetics
Bio21 Institute
University of Melbourne
Parkville, Victoria, Australia

Simon W. Baxter

Department of Zoology
School of Biology
University of Cambridge
Cambridge, United Kingdom

Patrícia Beldade

Evolutionary Biology Group
Institute of Biology
Leiden University
Leiden, The Netherlands

Bryony C. Bonning

Department of Entomology
Iowa State University
Ames, Iowa

Adriana D. Briscoe

Department of Ecology and Evolutionary
Biology
University of California, Irvine
Irvine, California

John Brown

Systematic Entomology Laboratory
USDA
National Museum of Natural History
Smithsonian Institution
Washington, D.C.

Nicola Chamberlain

School of Biological Sciences
University of Exeter in Cornwall
Penryn, United Kingdom

Derek Collinge

CSIRO Entomology
Canberra, Australia
and
School of Biochemistry and Molecular Biology
Australia National University
Canberra, Australia

Michael P. Cummings

Center for Bioinformatics and Computational
Biology
University of Maryland
College Park, Maryland

Donald R. Davis

Department of Entomology
National Museum of Natural History
Smithsonian Institution
Washington, D.C.

Richard H. ffrench-Constant

School of Biological Sciences
University of Exeter in Cornwall
Penryn, United Kingdom

Tsuguru Fujii

Graduate School of Agriculture and Life
Science
The University of Tokyo
Tokyo, Japan

Marian R. Goldsmith

Biological Sciences Department
University of Rhode Island
Kingston, Rhode Island

Karl Gordon

CSIRO Entomology
Canberra, Australia

Fred Gould

Department of Entomology and the Keck
Center for Behavioral Biology
North Carolina State University
Raleigh, North Carolina

Astrid T. Groot

Max Planck Institute for Chemical Ecology
Department of Entomology
Jena, Germany

David G. Heckel

Department of Entomology
Max Planck Institute for Chemical Ecology
Jena, Germany

Keith R. Hopper

United States Department of Agriculture
Agricultural Research Service
Newark, Delaware

Chris D. Jiggins

Department of Zoology
School of Biology
University of Cambridge
Cambridge, United Kingdom

Keiko Kadono-Okuda

National Institute of Agrobiological Sciences
Tsukuba, Japan

Michael R. Kanost

Department of Biochemistry
Kansas State University
Manhattan, Kansas

Akito Y. Kawahara

Department of Entomology
University of Maryland
College Park, Maryland

František Marec

Biology Centre ASCR
Institute of Entomology
and
Faculty of Science
University of South Bohemia
České Budějovice, Czech Republic

Owen McMillan

Department of Genetics
North Carolina State University
Raleigh, North Carolina

Christine Merlin

Department of Neurobiology
University of Massachusetts Medical School
Worcester, Massachusetts

James B. Nardi

Department of Entomology
University of Illinois
Urbana, Illinois

Sara J. Oppenheim

Department of Entomology
North Carolina State University
Raleigh, North Carolina

Cynthia S. Parr

Human-Computer Interaction Lab
University of Maryland
College Park, Maryland

Jerome C. Regier

University of Maryland Biotechnology Institute
University of Maryland
College Park, Maryland

Steven M. Reppert

Department of Neurobiology
University of Massachusetts Medical School
Worcester, Massachusetts

Hugh M. Robertson

Department of Entomology
University of Illinois at Urbana-Champaign
Urbana, Illinois

Amanda D. Roe

Department of Entomology
University of Minnesota
St. Paul, Minnesota

Daniel Rubinoff

Department of Plant and Environmental
Protection Sciences
University of Hawaii
Honolulu, Hawaii

Suzanne V. Saenko

Evolutionary Biology Group
Institute of Biology
Leiden University
Leiden, The Netherlands

Ken Sahara

Laboratory of Applied Molecular Entomology
Research Institute of Agriculture
Hokkaido University
Sapporo, Japan

Coby Schal

Department of Entomology and the Keck
Center for Behavioral Biology
North Carolina State University
Raleigh, North Carolina

Nina Richtman Schmidt

Department of Entomology
Iowa State University
Ames, Iowa

Toru Shimada

Graduate School of Agriculture and Life
Science
The University of Tokyo
Tokyo, Japan

Thomas J. Simonsen

Department of Biological Sciences
University of Alberta
Edmonton, Alberta, Canada

Marilou P. Sison-Mangus

Department of Ecology and Evolutionary
Biology
University of California, Irvine
Irvine, California

Michael R. Strand

Department of Entomology
University of Georgia
Athens, Georgia

Wee Tek Tay

CSIRO Entomology
Canberra, Australia

Walther Traut

Universität Lübeck
Zentrum für Medizinische Strukturbiologie
Institut für Biologie
Lübeck, Germany

Gissella M. Vásquez

Department of Entomology and the Keck
Center for Behavioral Biology
North Carolina State University
Raleigh, North Carolina

Andreas Vilcinskis

Institute of Phytopathology and Applied
Zoology
Interdisciplinary Research Center
Justus-Liebig-University of Giessen
Giessen, Germany

Niklas Wahlberg

Department of Biology
University of Turku
Turku, Finland

Kevin W. Wanner

Department of Plant Sciences and Plant
Pathology
Montana State University
Bozeman, Montana

Susan J. Weller

Department of Entomology
University of Minnesota
St. Paul, Minnesota

Adam Williams

Department of Genetics
Bio21 Institute
University of Melbourne
Parkville, Victoria, Australia

Andreas Zwick

Department of Entomology
University of Maryland
College Park, Maryland



译者

主译：何宁佳

参译：查幸福 童晓玲 王 菲 甘 玲 梁九波

付 强 徐云敏 开希武 刘碧朗 王长春

绪言

鳞翅目昆虫的蛾子和蝴蝶是种类繁多的种群之一,在数量上仅次于鞘翅目的甲虫,由超过 150 000 的物种组成。它们植食性的幼虫遍布全球,是栖息环境的重要组成部分。不管是作为农业和林业的主要害虫,还是作为传粉媒介和其他动物的食物来源,鳞翅目昆虫的许多物种对人类社会都产生了深远的影响。家蚕(*Bombyx mori*)是其中的特例。为获取蚕丝,家蚕被人工饲养多年,特别是在亚洲(中国、日本、韩国、泰国),南亚的印度,欧洲(法国、意大利、俄罗斯、罗马尼亚、保加利亚)和 20 世纪的南美巴西,蚕丝业在 30 多个国家中成为了重要的经济产业。

鳞翅目昆虫可能是研究得最为广泛的无脊椎动物,特别是拥有美丽翅膀的蝴蝶,曾经吸引了职业研究者和业余昆虫爱好者的注意。然而,除了家蚕,只有为数不多的鳞翅目昆虫得到了遗传学家的青睐。例如,在 J. 塞勒从几种鳞翅目昆虫中发现性染色体前,在 20 世纪初,L. 唐克斯特和 G. H. 雷纳从胡麻斑尺蠖蛾(*Abraxas grossulariata*)性连锁遗传中推测得到了鳞翅目昆虫典型的异型配子生殖(即雌染色体为 ZW)。基于 20 世纪 30 年代 R. 高施密特的工作,舞毒蛾(*Lymantria dispar*)成为了研究雌雄间性广为人知的材料。在早期的遗传研究模式生物中,粉螟(*Ephestia kuehniella*)作出了突出贡献。A. 库恩和他的同事利用收集的粉螟眼色突变体完成了眼色素合成途径的大量研究,后由库恩研究小组成员之一的 E. 卡斯帕利提出了“一个基因,一个酶”的假说。持续至 20 世纪 60 年代的这些遗传学研究和包括对几百种蛾子和蝴蝶染色体数目的调查可详见 1971 年由帕加玛出版社出版,R. 罗宾逊执笔的《鳞翅目昆虫遗传学》(*Lepidoptera Genetics*)。这本书还提及了著名的由工业化引发蛾子黑化的例子,讲述了在 1848 年英国的曼彻

斯特地区最初观察到了赤蛾(*Biston betularia*)的黑化现象。在该书中,相当多的篇幅关注了蛱蝶(*Hypolimnas*)和凤蝶(*Papilio*)警戒拟态的进化和遗传,采用这种警戒拟态的蝴蝶的翅模纹模拟了有毒的乳草斑蝶。今天教科书里有关警戒拟态的理论是基于这群科学家的研究(包括 J. W. Z. 布劳尔, C. A. 克拉克, P. M. 谢泼德),并得到了 D. 查尔斯沃思和 B. 查尔斯沃思进一步的详尽阐述。

在很多方面,本书是 1995 年戈德史密斯和威尔金斯出版的《鳞翅目昆虫分子模式系统》一书的后续。在那本书中,着重强调了选中的和正在形成的模式生物的研究,旨在利用它们的特征和在实验上的优势引起科学界的关注。家蚕在实验室从桑叶喂养发展到人工饲料喂养以及它们较大的个体,在蚕丝业高度发达国家的前沿基础研究中得到了广泛应用;同时,烟草天蛾(*Manduca sexta*)也成为美国基础研究(遗传除外)的首要模式昆虫。这两种昆虫至今仍是鳞翅目的模式昆虫,家蚕在分子遗传学、结构及功能基因组学上保持优势,烟草天蛾活跃在先天性免疫学、嗅觉和神经生物学、内分泌学和生物化学领域的前沿。随着分子生物学和基因组技术的发展,个体的大小和规模化饲养已不再重要,因此本书提及的对鳞翅目模式系统的选择更多地反映了利用蛾子和蝴蝶自身的优点来阐明其独有的研究问题。本书的编写初衷并不想包罗万象,只是再次提供针对基础生物学研究计划的展示平台以及源于开发针对鳞翅目害虫防治新方法的迫切需要。对本书未能涵盖的重要模式系统和关键领域的研究表示歉意,但请相信,这里提及的研究会激励读者进一步去阅读相关文献,去了解那些令人着迷和兴奋的研究。

本书第一章对鳞翅目昆虫的系统发生学现状进行了综述,综述聚焦于能代表模式系统的进化枝,在进化的背景下才能了解其本质。随后的章节对目前拥有和进展中的鳞翅目昆虫基因组学和后基因组学丰富的知识进行了综述,包括家蚕(第二章),引人注目的缪氏拟态,釉蛱蝶(*Heliconius*)(第六章)和主要的作物害虫铃夜蛾(*Helicoverpa*)(第十二章)。作为本书的前半部分的重要主题探讨了性别二型性对鳞翅目昆虫生物学多个方面的影响,包括染色体结构、性染色体系统和性别

决定(第三、四章),与交配行为关联的蝴蝶的视觉(第七章)、生物钟(第八章),以及性激素的产生和信号接收(第十章)。同样的,对控制蝴蝶翅发育和翅模式基因的研究在过去十年取得了显著的进步,在进化的背景下正在逐渐地产生新的信息(第五、六章)。较其他主要的昆虫而言,从鳞翅目昆虫化学受体的结构和功能多样性上获取的知识是近年研究的又一大突破(第九章),该方面的研究很大程度上依赖于家蚕基因组测序计划。

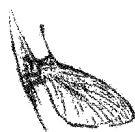
本书的许多话题直接和非直接地涵盖了另一个重要的话题——昆虫的防控。这些内容包括利用鳞翅目昆虫研究特异性宿主范围的遗传学和神经生理学(第十一章),杀虫剂抗性机理(第十三章),对已经建立起来的昆虫先天性免疫基础研究的进一步扩展(第十四章),探索携带多分病毒的寄生物与鳞翅目昆虫宿主间的相互关系(第十七章)。害虫防治的实用例子包括用鳞翅目昆虫来源的抗菌肽和毒力因子来尝试作为人类病原物的潜在治疗试剂,或者用于产生抗病植物(第十五章),用不同方法对多种体腔内毒素进行传递(第十六章)。最后一个话题是关于病毒的传递系统和功能研究,我们用首例鳞翅目昆虫图位法克隆来结束本书。家蚕浓核病毒是严重影响蚕丝产业的病原物,该方法成功地克隆了抗家蚕浓核病毒 *BmDNV-2* 的基因 *nsd-2*(第十八章)。如同本书所提及的许多研究计划,该研究代表了鳞翅目昆虫研究的一个制高点,所用的研究策略、技术和序列信息在 20 世纪 90 年代中期还可望不可及。随着最近发表的家蚕基因组的“第二版”信息(见家蚕基因组专刊 *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 38(12), December 2008)以及其他鳞翅目昆虫基因组计划的跟进,更多的研究进展会在不久的将来得以面世。

最后,我们感谢 CRC 出版社《昆虫学系列当代话题丛书》的编辑汤姆·米勒,是他策划了整本书并使我们成为本书的编撰者;没有他的鼓励、不断的促进、施加的恰到好处的压力、创造性地保持我们工作热情的方式以及对我们的信任,我们不可能完成这项工作。感谢 CRC 出版社的资深编辑约翰·苏尔兹科的耐心。Taylor & Francis Group 的协

调者帕特·罗宾逊,她的帮助和对我们问题的及时回复使该书的出版得以实现,也许她还未意识到她的帮助对我们的重要性。我们还要感谢盖尔·勒纳尔准备样稿,凯利·彭诺耶承担了使手稿得以成型的大量繁杂的工作。最后,我们感谢本书的诸多作者,为他们的辛勤工作、手稿的按时提交、对所提意见的慷慨回复、对该计划的大力支持以及对紧张的写作计划和偶尔出现的通信不畅(由我们负责)的容忍。他们对该书的贡献是无价的。

玛丽安·戈德史密斯和弗兰蒂塞克·马莱克

写于金斯敦和捷克布杰约维采



目 录

CONTENTS

- 第一章** 鳞翅目昆虫模型系统的进化框架 /001
- 第二章** 家蚕遗传学和基因组学的研究进展 /029
- 第三章** 鳞翅目昆虫 W 染色体的起源和发展 /055
- 第四章** 家蚕性染色体和性别决定 /071
- 第五章** 蝴蝶翅模式的进化和发育遗传学——热带蝴蝶眼斑 /095
- 第六章** 鳞翅目昆虫基因组中鉴定适应性基因的前景：一个蝴蝶色彩模式研究的案例 /113
- 第七章** 蝴蝶眼研究在分子和生理学上的新进展 /131
- 第八章** 鳞翅目昆虫的生物钟——从分子到行为 /149
- 第九章** 鳞翅目昆虫的化学受体 /167
- 第十章** 鳞翅目昆虫两性交流：交配行为的遗传学、生化及分子生物学 /185
- 第十一章** 鳞翅目昆虫宿主范围的遗传学 /213
- 第十二章** 主要农作物害虫夜蛾属的遗传学和分子生物学 /241



- 第十三章** 鳞翅目昆虫对杀虫剂抗性的分子遗传学研究 /265
- 第十四章** 烟草天蛾的先天免疫应答 /303
- 第十五章** 鳞翅目昆虫作为人类病原体的微型宿主和抗生素肽的来源 /329
- 第十六章** 体腔内毒素与鳞翅目害虫防治 /345
- 第十七章** 携带多分 DNA 病毒的寄生物与鳞翅目昆虫宿主的相互影响 /361
- 第十八章** 家蚕浓核病毒的抗性 /381
- 后 记**
- 附 录**

Amanda D. Roe, Susan J. Weller, Joaquin Baixeras, John Brown, Michael P. Cummings, Donald R. Davis, Akito Y. Kawahara, Cynthia S. Parr, Jerome C. Regier, Daniel Rubinoff, Thomas J. Simonsen, Niklas Wahlberg, and Andreas Zwick

1. 前言	002
2. 系统发生学与模型系统	004
3. 鳞翅目系统发生的概述	004
4. 选择的双孔亚目总科概述	006
4.1 卷蛾总科 (Tortricoidea)	006
4.2 螟蛾总科 (Pyraloidea)	007
4.3 凤蝶总科和弄蝶总科 (Papilionoidea 和 Hesperioidea)	008
4.4 蚕蛾总科 (Bombycoidea)	010
4.5 夜蛾总科 (Noctuoidea)	014
5. 目前的研究和将来的方向	017
5.1 分子水平上双孔次目的种系发生学与化石的作用	017
5.2 鳞翅目系统学的虚拟群落构建	018
5.3 总结与未来的模式系统	019
6. 致谢	020
参考文献	020



1. 前言

鳞翅目昆虫是地球上种类最丰富和最容易识别的物种之一,已经有记录与描述的至少有 150000 种(Kristensen 和 Skalski 1998)。它们是具有超级生物多样性的 4 个完全变态昆虫目之一,另外的 3 个目分别是双翅目(蝇)、鞘翅目(甲虫)和膜翅目(黄蜂、蜜蜂和蚂蚁)。仅蝴蝶这一种昆虫的种类数量就超过鸟纲的伯劳属,接近 18000 种(Kristensen 和 Skalski 1998)。通常,我们通过 3 种特征来辨别鳞翅目昆虫,分别是翅膀有鳞毛,可伸长的刺吸式口器(针状吻)以及完全变态的发育特征,其幼虫常被称作“毛虫”。在生物学研究史上,已经在包括发育、遗传、分子生物学、生理学、进化学和生态学多个研究领域使用各个种属的鳞翅目昆虫建立了无数的模型系统(Bates 1861; Müller 1879; Ford 1964; Ehrlich 和 Raven 1967; Kettlewell 1973)。我们之所以使用鳞翅目昆虫作为模型系统,主要是因为该类昆虫具有一系列适合于研究的生物学特征(Bolker 1995)。鳞翅目昆虫的超凡魅力主要归于它们异乎寻常多样的翅膀颜色模式和幼虫形貌,这也是专业人士和业余爱好者贪婪地收集它们的原因(图 1.1; Salmon 2000)。许多常见的鳞翅目昆虫种类的幼虫个体较大,在实验室往往比较容易饲养,这也为早期在发育和疾病相关方面的研究提供了便利。除此之外,鳞翅目昆虫对于人类社会经济发展的影响也促进了鳞翅目模型系统的发展。例如,在亚洲因为有长期的桑蚕养殖的传统,使吐丝昆虫(家蚕)成为被人类饲养的少数几种昆虫之一。然而,鳞翅目昆虫作为一种主要的植食性昆虫,它们中有很多是农业和林业中的重要害虫。我们在本书中所讨论的几个鳞翅目昆虫种类都已被开发成模型系统,它们被开发成模型系统的初衷是为了了解鳞翅目昆虫与它们宿主植物之间的关系,而最终则是要使用研究所得的成果去控制整个害虫群体。

除了实际的应用,鳞翅目昆虫模型系统也为基础研究提供了方便,这方面的研究工作主要包括翅膀斑纹模式的形成,神经系统发育,以及发育相关基因之间的相互作用等(例如 *Bicyclus*, *Manduca*)。另外,我们已经拥有鳞翅目基因组的数据(Mita et al. 2004; Xia et al. 2004; Jiggins et al. 2005)。现在已有 4 个基因组被 GenBank 数据库收录(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>, accessed April 16, 2008),它们是家蚕(蚕蛾科 Bombycidae),热带蝴蝶(蛱蝶科 Nymphalidae),庆网蛱蝶(蛱蝶科 Nymphalidae)和草地贪夜蛾(夜蛾科 Noctuidae)。相比较而言,鳞翅目昆虫的基因组比较大:家蚕(*Bombyx mori*)的基因组约有 475Mbp,烟草天蛾(*Manduca sexta*)的大概有 500Mbp,绿棉铃虫(*Heliothis virescens*)的有 400Mbp 左右,以及釉蛱蝶(*Heliconius*)约有 292Mbp(J. S. Johnston, unpublished; Goldsmith, Shimada, and Abe 2005; Jiggins et al. 2005)。这些基因组几乎是已经完成的黑腹果蝇(*Drosophila melanogaster*)的基因组(175Mbp)的 2.5 倍,是蜜蜂(*Apis mellifera*, 236Mbp)或者冈比亚按蚊(*Anopheles gambiae*, 280Mbp)基因组的 1.6 倍(Goldsmith, Shimada, Abe 2005; Honeybee Genome Sequencing Consortium 2006)。关于鳞翅目基因组更加深入的阐述请参照第二章和第六章以及其中的参考文献。

本章中我们综述了最初的模型系统的选择是怎样影响随后的深入研究以及系统发