

中国青凤蝶 3 个亚种的遗传变异分析

杨斯琦¹,王亚楠²,王方方²,何 娅¹,靳亚丽¹ (1.上海科技馆上海自然博物馆自然史研究中心,上海 200041;2.中国农业科学院上海兽医研究所农业部动物寄生虫学重点实验室,上海 200241)

摘要 [目的]探讨中国青凤蝶(*Graphium sarpedon* Linnaeus)3个亚种的遗传变异。[方法]对青凤蝶3个亚种的 *CO I* 基因和 *EF-1α* 基因部分序列进行测定,并对序列的碱基组成、转换颠换数和遗传距离等进行分析。[结果]在测得的 *CO I* 基因(709 bp)和 *EF-1α* (1 064 bp)基因中,有44个变异位点,6个简约信息位点,*CO I* 基因 A+T 平均含量为69.3%,存在较强的含量偏向性,亚种间的遗传距离相差甚小。[结论]青凤蝶3个亚种之间没有明显序列差异,仍然适宜采用传统的基于形态学的青凤蝶亚种分类体系。
关键词 青凤蝶;*CO I* 基因;*EF-1α* 基因;遗传变异
中图分类号 Q969.42 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2017)31-0156-04

Analysis of Genetic Variation in Three Subspecies of *Graphium sarpedon* Linnaeus from China
YANG Si-qi¹, WANG Ya-nan², WANG Fang-fang² et al (1. Natural History Research Center, Shanghai Natural History Museum, Shanghai Science & Technology Museum, Shanghai 200041;2. Key Laboratory of Animal Parasitology of Ministry of Agriculture, Shanghai Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 200241)
Abstract [Objective]To investigate the genetic variation in three subspecies of *Graphium sarpedon* Linnaeus in China. [Method] The *CO I* gene and the *EF-1α* gene were partially sequenced. The nucleotide composition, the number of transition and transversion, genetic distance of the segment had been analyzed. [Result]There were 44 variation sites and 6 parsimony-informative sites in combined sequence of the *CO I* gene(709 bp)and *EF-1α*(1 064 bp) gene in the examined species. The average A + T content of *CO I* gene was 69.3%, which showed strong A + T bias. But genetic distance among subspecies were very small. [Conclusion]It has no significant sequence differences between the three subspecies, which is still suitable to use the traditional morphological classification system for *Graphium sarpedon* subspecies.
Key words *Graphium sarpedon*; *CO I* gene; *EF-1α* gene; Genetic variation

青凤蝶(*Graphium sarpedon* Linnaeus),又名樟青凤蝶或青带凤蝶,属于鳞翅目(Lepidoptera),凤蝶科(Papilionidae),青凤蝶属(*Graphium*),分布于我国陕西、湖北、湖南、四川、云南、贵州、西藏、江西、浙江、福建、广西、广东、海南、台湾、香港等地区^[1]。青凤蝶在我国有3个亚种,即指名亚种[*G. sarpedon sarpedon*(Linnaeus)],蓝斑亚种[*G. sarpedon connectens*(Fruhstorfer)],斑带亚种[*Graphium sarpedon semifasciatum*(Honrath)]。目前对青凤蝶斑带亚种的分类尚存有争议,魏忠民等^[2]通过对中国青凤蝶标本的观察,归纳出6种中国青凤蝶的变异型,描述其主要形态特征,认为青凤蝶的斑带亚种是一种变型,而不是亚种。对于青凤蝶亚种的争议问题,以DNA序列为基础的分辨依据研究较少。
目前国内外学者结合线粒体基因和核基因等分子标记

对昆虫类群的系统学研究已有大量的文献报道。线粒体DNA具有结构简单、进化速度快、高拷贝数、易于分离纯化等特点,是研究系统发育、种群遗传变异和分化、区分近缘种的重要工具^[3]。由于线粒体基因是母系遗传,其中所含的进化信息并不能完全反映双亲进化的历史,核基因也含有丰富的生物学信息,结合适当的核基因将更好地分析蝶类的系统发育^[4]。
笔者对我国分布的青凤蝶3个亚种的 *CO I* 基因和 *EF-1α* 基因部分序列进行测定,研究它们在DNA序列上的差异,以期为我国青凤蝶3个亚种分类地位提供分子证据。
1 材料与方法
1.1 材料 青凤蝶3个亚种的标本来自我国广西、上海,包括作为外群的木兰青凤蝶,共15只成虫标本(表1)。

表1 昆虫样本来源
Table 1 The sources of insect samples

亚种 Subspecies	采集地 Location	采集时间 Collection date	样本数 Sample number	GenBank 登陆号 GenBank accession No.	
				<i>CO I</i> 基因 <i>CO I</i> gene	<i>EF-1α</i> 基因 <i>EF-1α</i> gene
指名亚种 <i>G. sarpedon sarpedon</i>	广西	2016-05	3	GU372548	GU372639
蓝斑亚种 <i>G. sarpedon connectens</i>	广西、上海	2016-07	4	GU372548	GU372639
斑带亚种 <i>G. sarpedon semifasciatum</i>	广西、上海	2016-07	7	GU372548	GU372639
木兰青凤蝶 <i>G. doson</i> (Felder et Felder)	广西	2016-07	1	EU792483.1	AF044815.2

基金项目 上海市金山区水务局专项“大金山岛猕猴容量调查研究”;上海科技馆种子资金项目。
作者简介 杨斯琦(1987—),女,江西丰城人,助理研究员,硕士,从事昆虫分类学及分子生物学研究。
鸣谢 项目实施过程中得到了中国农业科学院上海兽医研究所农业部动物寄生虫学重点实验室的大力支持,同时也感谢张云飞、卜云、张厚双老师在数据分析上给予的帮助。
收稿日期 2017-08-28

1.2 方法
1.2.1 提取基因组DNA及PCR扩增。选取部分腹部或足部组织作为试验材料,采用试剂盒 insect kit(Omega)提取基因组DNA,样品保存在-20℃备用。试验采用的引物序列如下。
CO I 上游引物:5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTG

-3';下游引物:5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAAT-3'。
EF-1α 上游引物:5'-TCGATATCGCTTTGTGGAAGTT-3';
下游引物:5'-ACGCACGGCAAAACGACCGAGAG-3'。

PCR 反应体积为 50 μL,反应体系包括 1.25 U 的 *Taq* DNA 聚合酶,0.2 mmol/L dNTP,上下游引物分别为 0.4 μmol/L,10×PCR Buffer 为 5 μL,模板 DNA 溶液 2 μL (50~100 ng DNA)。扩增条件为 95℃预变性 3 min;95℃变性 30 s,55℃复性 30 s,72℃延伸 1 min,30 个循环;最后在 72℃延伸 7 min,4℃保温。用 Eppendorf 梯度 PCR 仪进行扩增。

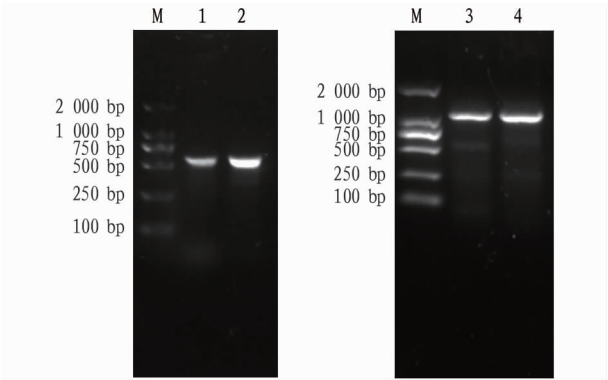
1.2.2 PCR 产物纯化、测序。用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物,用 DNA 凝胶回收试剂盒,对目的条带进行回收和纯化后,连接到 T 载体,经过转化挑克隆,提取质粒再委托上海赛默飞(Thermo Fisher)公司进行双向测序。

1.2.3 序列分析及差异比较。测定 15 只成虫标本的 *CO I* 和 *EF-1α* 基因部分序列,正反链序列拼接后,再 Blast 进行序列同源性比较,基于 Kimura-2 参数,采用 MEGA6.0 软件进行序列组成分析,如序列碱基组成(nucleotide composition)、保守位点(conserved sites)、变异位点(variable sites)、简约信息位点(parsimony information sites)、自裔位点(singleton sites)等。选择 Tamurari Nei 模型,计算各分类单元之间的遗传距离、转换数与颠换数比值(Ts/Tv)。

2 结果与分析

2.1 基因序列的确定 根据所选引物的位置,*CO I* 基因和 *EF-1α* 基因预测扩增的片段分别是 709 bp 和 1 064 bp,电泳检测的结果与预期相符(图 1)。运用 Blast 对序列进行分析,显示其与青凤蝶的*CO I* 基因和*EF-1α* 基因具有很高

的同源性。



注:M. DNA 标准分子量(DL2000);1~2. *CO I* 基因特异引物扩增的 PCR 产物;3~4. *EF-1α* 基因特异引物扩增的 PCR 产物
Note:M. DNA Marker(DL2000);1~2. PCR product of *CO I* primers;3~4. PCR product of *EF-1α* primers

图 1 青凤蝶 3 个亚种 *CO I* 基因和 *EF-1α* 基因扩增产物电泳检测结果

Fig.1 The eletrophoresis result of PCR product of *CO I* and *EF-1α* gene of *G. sarpedon*

2.2 序列组成分析 除外群外,*CO I* 基因部分序列共 709 bp,变异位点 6 bp,无简约信息位点,自裔位点 6 bp,碱基组成上 T、C、A、G 的含量分别是 39.1%、16.5%、30.2%、14.4%,A+T 平均含量为 69.3%,其中密码子第 2 位点 A+T 含量最高,达 90.5%,第 2 位点 G 含量最低,平均为 0.4%,T 含量最高,达 49.0%,这表明密码子的碱基使用频率存在明显的偏向性(表 2)。

表 2 青凤蝶 3 个亚种 *CO I* 基因序列组成

Table 2 The component of *CO I* gene sequences of 3 subspecies of *G. sarpedon*

编号 No.	项目 Item	长度 bp	C bp	V bp	Pi bp	S bp	T %	C %	A %	G %	A+T %
1	全数据组(含外群)	709	632	77	0	77	39.1	16.5	30.2	14.4	69.3
2	全数据组(内群)	709	703	6	0	6	39.1	16.5	30.2	14.4	69.3
3	第 1 位点	237	236	1	0	1	42.0	24.1	17.3	16.9	59.3
4	第 2 位点	236	233	3	0	3	49.0	9.3	41.5	0.4	90.5
5	第 3 位点	236	234	2	0	2	27.0	16.1	31.8	25.4	58.8

注:C. 保守位点;V. 变异位点;Pi. 简约信息位点;S. 自裔位点
Note:C. conserved sites;V. variable sites;Pi. parsimony informative sites;S. singleton sites

核 *EF-1α* 基因部分序列共 1 064 bp,变异位点 38 bp,简约信息位点 6 bp,自裔位点 32 bp,T、C、A、G 的含量分别是 22.1%、28.6%、24.5%、24.8%,A+T 平均含量为 46.6%,其

中第 1 位点含量最高,达到 59.2%,第 1 位点 G 的含量最低,平均为 15.2%,T 的含量最高,达到 28%,表明密码子的碱基使用频率也存在一定的偏向性(表 3)。

表 3 青凤蝶 3 个亚种 *EF-1α* 基因序列组成

Table 3 The component of *EF-1α* gene sequences of 3 subspecies of *G. sarpedon*

编号 No.	项目 Item	长度 bp	C bp	V bp	Pi bp	S bp	T %	C %	A %	G %	A+T %
1	全数据组(含外群)	1 064	973	91	8	83	21.8	28.6	24.5	24.8	46.3
2	全数据组(内群)	1 064	1 026	38	6	32	22.1	28.6	24.5	24.8	46.6
3	第 1 位点	355	349	6	0	6	28.0	26.0	31.2	15.2	59.2
4	第 2 位点	355	334	21	6	15	23.0	40.9	14.6	21.1	37.6
5	第 3 位点	354	343	11	0	11	15.0	18.9	27.7	38.1	42.7

注:C. 保守位点数;V. 变异位点数;Pi. 简约信息位点;S. 自裔位点
Note:C. conserved sites;V. variable sites;Pi. parsimony informatic sites;S. singleton sites

通过 Paup4.0b10 软件对 *CO I* 基因和 *EF-1 α* 基因进行 PHT 检验(同质性检验 partition homogeneity test),结果显示基因进化水平不具有显著差异($P=1.0>0.01$),因而可以将 2 组数据整合在一起进行分析。利用 MEGA6.0 软件,基于 Kimura-2 参数对 *COI*和 *EF-1 α* 基因部分序列的整合数据

进行分析,统计碱基转换数与颠换数比值(R)。
由表 4 可知,核苷酸替换发生率比较低,第 3 位点略高,转换多于颠换,第 1 位点最保守。转换数与颠换数比值(R)平均为 $1.5<2$,表现出较为明显的替换饱和。

表 4 青凤蝶 3 个亚种 *CO I* 和 *EF-1 α* 基因碱基替换

Table 4 The nucleotides substitution of *CO I* and *EF-1 α* gene of 3 subspecies of *G. sarpedon*

编号 No.	项目 Item	ii	si	sv	R	TT	TC	TA	CT	CC	AT	AC	AA	AG	GT	GA	GG
1	全数据组(含外群)	1 751	13	8	1.5	504	5	2	4	415	3	1	470	2	1	2	362
2	第 1 位点	589	2	1	2.2	152	1	0	1	123	0	0	138	0	0	0	175
3	第 2 位点	583	4	4	0.8	209	2	1	1	112	3	0	207	0	0	0	55
4	第 3 位点	580	8	3	2.4	143	3	0	2	180	0	0	125	1	1	1	132

注:ii. 相同碱基;si. 转换碱基;sv. 颠换碱基;R. 转换数/颠换数
Note:ii. identical pairs;si. transitionsal pairs;sv. transversional pairs;R. Ts/Tv

2.3 遗传距离分析 基于 Kimura-2 参数,采用 MEGA 6.0 计算个体间及亚种间的遗传距离(表 5)。不含外群的个体两两之间的遗传距离在 0.1%~0.5%,平均遗传距离是 0.3%,将 3 个亚种进行分组后计算遗传距离,并与外群对照(表 6),我国青凤蝶 3 个亚种间遗传距离是 0.30%~0.34%,

两两之间的遗传距离相差很小,其中指名亚种[*G. sarpedon sarpedon*(Linnaeus)]与斑带亚种[*G. sarpedon semifasciatum*(Honrath)]差异相对更小,与蓝斑亚种[*G. sarpedon connectens*(Fruhstorfer)]的差异相对更大。

表 5 青凤蝶个体间 *CO I* 和 *EF-1 α* 基因 Kimura-2 参数校正遗传距离(下三角)和标准差(上三角)

Table 5 Pairwise distance (below diagonal) and standard errors (above diagonal) for *CO I* and *EF-1 α* gene between individual of *G. sarpedon*

个体 Individual	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]	[12]	[13]	[14]	[15]
[1]	—	0.002	0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.002	0.001	0.001	0.002	0.001	0.006
[2]	0.005	—	0.001	0.002	0.001	0.002	0.001	0.002	0.001	0.002	0.002	0.001	0.001	0.001	0.006
[3]	0.002	0.002	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.006
[4]	0.005	0.005	0.002	—	0.001	0.002	0.001	0.001	0.002	0.002	0.001	0.001	0.002	0.001	0.006
[5]	0.003	0.003	0.001	0.003	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.006
[6]	0.005	0.005	0.003	0.005	0.004	—	0.001	0.002	0.002	0.002	0.001	0.002	0.001	0.001	0.006
[7]	0.003	0.003	0.001	0.003	0.002	0.002	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.006
[8]	0.005	0.005	0.002	0.003	0.003	0.005	0.003	—	0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.006
[9]	0.004	0.003	0.002	0.004	0.003	0.005	0.002	0.004	—	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.006
[10]	0.005	0.005	0.002	0.005	0.003	0.005	0.003	0.005	0.004	—	0.002	0.002	0.002	0.001	0.006
[11]	0.004	0.004	0.002	0.004	0.003	0.005	0.002	0.004	0.003	0.004	—	0.001	0.001	0.001	0.006
[12]	0.004	0.002	0.002	0.004	0.003	0.005	0.002	0.004	0.002	0.004	0.003	—	0.001	0.001	0.006
[13]	0.004	0.004	0.002	0.004	0.003	0.005	0.002	0.004	0.003	0.004	0.003	0.003	—	0.001	0.006
[14]	0.003	0.003	0.001	0.003	0.002	0.003	0.001	0.003	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	—	0.006
[15]	0.081	0.079	0.078	0.079	0.079	0.081	0.079	0.081	0.079	0.081	0.080	0.079	0.080	0.079	—

注:[1]*G. sarpedon sarpedon*1;[2]*G. sarpedon sarpedon*2;[3]*G. sarpedon sarpedon*3;[4]*G. sarpedon connectens*1;[5]*G. sarpedon connectens*2;[6]*G. sarpedon connectens*3;[7]*G. sarpedon connectens*_SH4;[8]*G. sarpedon semifasciatum*1;[9]*G. sarpedon semifasciatum*2;[10]*G. sarpedon semifasciatum*3;[11]*G. sarpedon semifasciatum*4;[12]*G. sarpedon semifasciatum*-SH1;[13]*G. sarpedon semifasciatum*_SH2;[14]*G. sarpedon semifasciatum*_SH3;[15]*G. doson*

表 6 青凤蝶 3 个亚种间 *CO I* 和 *EF-1 α* 基因 Kimura-2 参数校正遗传距离(下三角)和标准差(上三角)

Table 6 The Kimura-2 parameter distance (below diagonal) and standard errors (above diagonal) for *CO I* and *EF-1 α* gene between 3 subspecies of *G. sarpedon*

亚种 Subspecies	指名亚种 <i>G. sarpedon sarpedon</i>	蓝斑亚种 <i>G. sarpedon connecten</i>	斑带亚种 <i>G. sarpedon semifasciatum</i>	木兰青凤蝶 <i>G. doson</i>
指名亚种 <i>G. sarpedon sarpedon</i>	—	0.000 7	0.000 7	0.006 5
蓝斑亚种 <i>G. sarpedon connecten</i>	0.003 2	—	0.000 6	0.006 5
斑带亚种 <i>G. sarpedon semifasciatum</i>	0.003 0	0.003 4	—	0.006 4
木兰青凤蝶 <i>G. doson</i>	0.079 1	0.079 5	0.079 8	—

2.4 系统发育信号检测 采用碱基替换饱和性分析,对数据进行系统发育信号强弱的检测,以遗传距离为横坐标,以碱基转换数和颠换数为纵坐标作散点图(图 2)。
从图 2 可以看出,随着遗传距离的增大,Ts 增加的速度大于 Tv 增加的速度,且与遗传距离之间有良好的线性关系,Tv 则逐渐趋于稳定,达到饱和。

通过 Paup4.0b10 软件对数据做 PTPtest 序列信息检验,结果显示 P 为 0.002,表明该数据具有较显著的系统发育信息,而非随机数据,可用来进行系统发育的推断^[5-6]。
3 讨论
我国青凤蝶分布有 3 个亚种,据《中国蝶类志》中描述,青凤蝶的形态特征为翅窄长,底色黑,无尾状突起,前后翅中

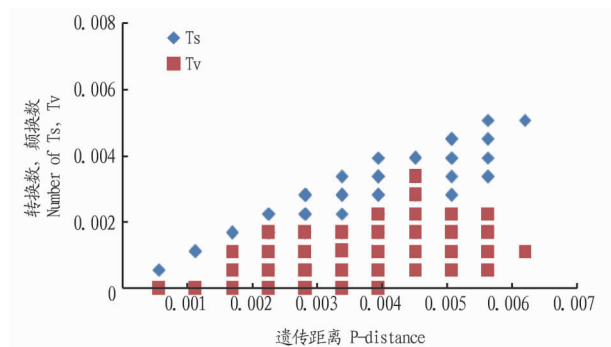


图2 青凤蝶碱基替换饱和分析

Fig. 2 The substitution saturation analysis of 3 subspecies of *G. sarpedon*

央贯穿 1 列略呈方形的蓝绿色斑(后翅前面的 1 个为白色),后翅外缘有 1 列绿蓝色的新月斑。后翅反面近翅基有 1 条红色短线,翅中部至后缘处有数条红色斑纹。

3 个亚种之间形态特征存在一些差异,青凤蝶蓝斑亚种的绿色斑偏蓝,前翅顶角有 1 个绿斑特别小;斑带亚种的后翅色带不全。有学者提出青凤蝶的斑带亚种是一种变型,而不是亚种。为此,该研究联合 2 个基因序列的整合数据对青凤蝶 3 亚种间遗传变异进行了分析。之所以选择 *CO I* 和 *EF-1 α* 基因联合分析,一方面是增加系统发生分析的置信度^[7-8],另一方面也与 2 个基因各自的特点有关。线粒体 *CO I* 是编码线粒体细胞色素氧化酶亚基 I 的基因,是常用的分子标记之一,它既相对保守又存在高变区,高变区内遗传进化速率更快,种间的遗传差异也更明显,适合于种间和种内分类鉴定及系统发生研究^[9]。*EF-1 α* 基因进化速度比较快,它也用于分析低阶元的系统发育,已有学者做了相关的研究,如 Reed 等^[10]用线粒体 *CO I*、*CO II* 基因的全长和核基因的 *EF-1 α* 基因联合分析了凤蝶科凤蝶属 23 个种和亚种的个体。

在鳞翅目同种个体之间,*CO I* 基因的差异为 0.25%^[11],从试验结果来看,我国青凤蝶 3 个亚种间 *CO I* 基因相似度为 99.15%,核苷酸差异很小,表明 *CO I* 基因在个体间变异率较低。3 个亚种间 *EF-1 α* 基因相似度 96.43%,表明存在一定的变异率。3 亚种青凤蝶在形态上的差异可能

是由于地理隔离形成,其自身的遗传变异性非常低^[12]。

从系统发育树的拓扑结构看,其未显示 3 个亚种间有很好的单系性,而出现了并系性,且各支自举检验值较低(< 50%),因而没有列出发育树,置信度低下可能是因为分子数据所提供的信息位点较少^[13],或者是 *CO I* 基因和 *EF-1 α* 基因序列突变达到饱和。结合对 3 个亚种基因序列两两距离进行 P-distance 计算,并按照亚种分组后计算遗传距离,可以看出指名亚种和斑带亚种的亲缘关系较近,但不足以认定斑带亚种是属于指名亚种的一种变型。

综上所述,结合目前已有的 2 个基因部分序列和各亚种之间形态特征的差异,仍然适宜采用传统的基于形态学的青凤蝶亚种分类体系。

参考文献

- [1] 武春生. 中国动物志:昆虫纲 第 25 卷 鳞翅目 凤蝶科[M]. 北京:科学出版社,2001.
- [2] 魏忠民,武春生. 中国青凤蝶变异型初步观察[J]. 昆虫知识,2006,43(3):431-432.
- [3] 寿建新. 国内外蝴蝶分类认识总结[J]. 西安文理学院学报(自然科学版),2014,17(4):21-27.
- [4] 袁锋,袁向群. 蝶类分子系统学研究进展[J]. 西北农业学报,2013,22(12):1-14.
- [5] KIM K J, JANSEN R K. A chloroplast DNA phylogeny of lilacs (*Syringa*, *Oleaceae*): Plastome groups show a strong correlation with crossing groups[J]. *American J Bot*, 1998, 85(9):1338-1351.
- [6] AUSTIN C C, ZUG G R. Molecular and morphological evolution in the south-central Pacific skink *Emoia tongana* (Reptilia: Squamata): Uniformity and human-mediated dispersal[J]. *Australian J Zool*, 1999, 47(5):425-437.
- [7] MONTEIRO A, PIERCE N E. Phylogeny of *Bicyclus* (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from *COI*, *COII* and *EF-1 α* gene sequences[J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2001, 18(2):264-281.
- [8] NORMARK B B. Molecular systematics and evolution of the aphid family Lachnidae[J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2000, 14(1):131-140.
- [9] 吴冬霞, 朱国萍, 陈娜, 等. 线蛭蝶亚科蝶类部分分类群线粒体 *COI* 基因的分子系统发生分析[J]. 生命科学研究, 2007, 11(1):64-71.
- [10] REED R D, SPERLING F A. Interaction of process partitions in phylogenetic analysis: An example from the swallowtail butterfly genus *Papilio* [J]. *Mol Biol Evol*, 1999, 16(2):286-297.
- [11] HEBERT P D N, STOECKLE M Y, ZEMLAK T S, et al. Identification of birds through DNA barcodes[J]. *PLoS Biol*, 2004, 2(10):1657-1663.
- [12] 叶维萍, 叶海燕, 卢慧蕊, 等. 基于线粒体 12S rRNA 和 ND5 基因序列的中国凤蝶属 3 亚种系统发育关系研究[J]. 昆虫分类学报, 2005, 27(1):5-12.
- [13] 刘晓燕, 吴孝兵, 诸立新. 中国黄粉蝶亚科六属间基于 *COII* 和 *EF-1 α* 基因部分序列的系统发育关系(鳞翅目:粉蝶科)[J]. 昆虫学报, 2007, 50(6):604-609.
- [14] ALBAN C, BALDET P, DOUCE J. Localization and characterization of two structurally different forms of acetyl-CoA carboxylase in young pea leaves, of which one is sensitive to aryloxyphenoxy propionate herbicides[J]. *Biochem J*, 1994, 30:557-565.
- [15] MORTAZAVI A, WILLIAMS B A, MCCUE K, et al. Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq[J]. *Nat Methods*, 2008, 5(7):621-628.
- [16] OHLROGGE J, BROWSE J. Lipid biosynthesis[J]. *Plant cell*, 1995, 7(7):957-970.
- [17] GENGEBACH B G, SOMERS D A, WYSE D L, et al. Transgenic plants expressing maize acetyl CoA carboxylase gene and method of altering oil content: 6222099[P]. 2001-04-24.
- [18] OHLROGGE J B, ROESLER K R, SHORROSH B S. Method of increasing oil content of seeds: 5925805[P]. 1999-07-20.
- [19] SELLWOOD C, SLABAS A R, RAWSTHORNE S. Effects of manipulating expression of acetylpl-CoA carboxylase in *Brassica napus* L. embryos[J]. *Biochemical society*, 2000, 28(6):598-600.

(上接第 155 页)

代,拟南芥的脂肪酸含量增加 5.0%~6.4%。Sellwood 等^[10]通过反义表达技术,抑制 *ACC* 基因的表达,转基因植株的含油量显著降低。

参考文献

- [1] BASRI W M, ABDULLAH S N A, HENSON I E. Oil palm: Achievements and potential[J]. *Plant production science*, 2005, 8(3):288-297.
- [2] KOH L P, WILCOVE D S. Cashing in palm oil for conservation[J]. *Nature*, 2007, 448:993-994.
- [3] 李昌珠, 李正茂. 植物脂肪酸的生物合成及其生理功能的研究进展[J]. 湖南林业科技, 2009, 36(6):45-49.
- [4] ASHTON A R, JENKINS C L D, WHITFIELD P R. Molecular cloning of two different cDNAs for maize acetyl CoA carboxylase[J]. *Plant Mol Biol*, 1994, 24(1):35-49.