编码棉铃虫化学感受蛋白 cDNA 的克隆及序列分析

王桂荣,吴孔明,郭予元

(中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室,北京 100094)

摘要:从棉铃虫触角中克隆了一条全长 722bp 的 cDNA 序列,命名为 CSPHarm。CSPHarm 阅读框全长 381bp, 编码 127 个氨基酸残基,推导的氨基酸序列具有昆虫化学感受蛋白的典型特征。CSPHarm 与已报道的其它昆虫的 化学感受蛋白的氨基酸序列有很高的同源性,因此,CSPHarm是一个编码棉铃虫化学感受蛋白的基因。CSPHarm 具 有强烈的亲水性,但是在第 20~30 位的氨基酸组成一个亲脂性的结构,这可能是结合亲脂性气味物质的区域。半 定量 RT-PCR 研究结果显示,CSPHarm 在棉铃虫头、胸、腹、足、翅和触角等组织中表达量都很高,在不同组织中 的表达量没有明显的区别,在卵、幼虫、蛹和成虫体内也都有表达,在卵中表达量相对较低,在成虫体内表达量 较高。

关键词:棉铃虫;化学感受蛋白;基因克隆

Cloning and Sequence Analysis of a cDNA Encoding Chemosensory Protein in *Helicoverpa armigera*

WANG Gui-rong, WU Kong-ming, GUO Yu-yuan

(State Key Laboratory for Biology of Plant Disease and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094)

Abstract: A full-length cDNA, *CSPHarm*, was cloned from antennae of *Helicoverpa armigera*. The open reading-fragment of *CSPHarm* was 381bp, encoding 127 amino acid residues. This deduced amino acid sequence shared some common structural features with chemosensory proteins in insects. It also shared high identity with chemosensory proteins from other insects. Therefore, *CSPHarm* was a cDNA encoding chemosensory protein of *H.armigera*. CSPHarm displayed a strong hydrophilicity all along the molecular, except for the hydrophobic domain between residues 20-30, which was likely binding domain of hydrophobic compounds. Semi-quantitative RT-PCR analysis showed that *CSPHarm* was highly expressed in head, thorax, abdomen, leg, wing and antenna of *H. armigera*. No obrious difference at expressed level of *CSPHarm* among these tissues. *CSPHarm* was also expressed in egg, larva, pupae and adult and relatively low expressed in egg and highly expressed in adult.

Key words: Helicoverpa armigera; Chemosensory protein; Gene cloning

昆虫通过位于感受器内的专一性感觉神经原来识 别外界环境中的气味分子和化学刺激,昆虫所有类型 的感受器都具有相似的结构:具有特殊的表皮结构, 内部有一个或多个双级感觉神经元,3 个附属细胞以 及感受器淋巴液。感受器淋巴液是亲水性的液体,充 满了整个表皮壁以内的空间,使所有的感觉神经原树 突都浸浴于其中。因此外界脂溶性的气味分子或化学 刺激不能直接通过水溶性的淋巴液到达感觉神经 原^[1]。目前在化学感受器淋巴液中已经发现两类水溶 性蛋白能够作为气味分子和化学刺激物的载体,一类 是气味结合蛋白(odorant binding proteins, OBPs), 气味结合蛋白序列中有6个保守的半胱氨酸残基,具 有相似的水溶性及次级结构,能够溶解和运输气味分 子到达神经受体^[2~5]。根据生理功能的不同,气味结合 蛋白分为性外激素结合蛋白(pheromone binding proteins, PBPs)和两类普通气味结合蛋白(general

收稿日期: 2005-01-24

基金项目:国家自然科学基金重点项目(30330410)和国家 "973" 计划项目(G2000016208)资助

作者简介: 王桂荣(1972-), 男, 安徽宿松人, 博士, 主要从事昆虫生物化学和分子生物学研究。E-mail: wgrsun@163.com。郭予元为通讯作者, Tel: 010-62894786; yuyuanguo@hotmail.com

odorant proteins, GOBPs), 性外激素结合蛋白与性外 激素的专一性识别有关, 而普通气味结合蛋白与普通 气味分子的识别有关,这两类蛋白均在昆虫触角中专 一性表达[6~8]。

感受器淋巴液中另一类水溶性蛋白是果蝇 OS-D 类似蛋白^[9,10],也称作化学感受蛋白(chemosensory proteins, CSPs)^[11]。这类蛋白与气味结合蛋白同源性 低, 序列中只有4个保守的半胱氨酸残基, 在昆虫各 种化学感觉器官中表达, 推测可能在感受化学刺激的 感受器中起着重要的作用^[12~16]。目前发现 CSPs 广泛 存在于鳞翅目^[14,15,17]、膜翅目^[18,19]、蜚蠊目^[20,21]、竹节 虫目[12,16]和直翅目[11]等昆虫中。本研究克隆了中国重 要农业害虫——棉铃虫的一个 CSP 基因, 对棉铃虫不 同发育时期和不同组织中 CSP 基因的表达进行了研 究。

材料与方法 1

1.1 实验材料和试剂

棉铃虫为本实验室用人工饲料饲养,根据本研究 需要取不同发育时期和不同组织部位的材料后, 立即 放在液氮中冷冻,然后置-70℃保存备用。T-easy载体 购自 Promega 公司,限制性内切酶、ExTag DNA 聚合 酶和 3'-RACE 试剂盒购自 TaKaRa 公司,5'-RACE 试 剂盒购自 GIBCO BRL 公司。

1.2 棉铃虫不同组织总 RNA 的分离

根据 Wang 等^[7]的方法,用 Trizol 试剂提取棉铃虫 不同组织总 RNA(Life Techniques 公司产品)。

1.3 引物设计和合成

用 DNASIS 软件比较已报道的昆虫化学感受蛋白 的氨基酸序列,根据保守区 YTDKYDN 结合 PCR 引 物设计原则设计了一条正向简并引物(CSPS),用于 3'-RACE 扩增,再根据 3'-RACE 的结果设计两条特异 性引物(CSPal 和 CSPrt)用于 5'-RACE 扩增。根据 5'-RACE和3'-RACE测序结果设计了一对特异性引物 用于扩增棉铃虫化学感受蛋白的全长阅读框,为了便 于将该基因亚克隆到表达载体上进行表达,在引物上 分别引入了 BamH I 和 EcoR I 酶切位点。引物在北京 博亚生物技术有限公司合成。引物序列如下:

CSPS: 5'-TAYACNGAYAARTAYGAYAA-3' CSPA1: 5'-AGCTCATTCTTGATCAGGTG-3' CSPRT: 5'-CTTGGCAGCCAGCTC-3' CSPF:5'-CGCGGATCCGATGACAAGTACACGG ACAA-3' BamH I

CSPR:5'-CGCGAATTCTTATTCGGGGGATCTGGA **TGC-3**′

EcoR I

1.4 RACE 反应

RACE 反应参照 Wang 等^[22]稍作修改。3'-RACE 反应条件如下: 首先, 94℃变性 3 min; 接着利用降 落 PCR 进行 19 个循环,循环条件为 94℃ 30 s, 55℃ 30 s, 72℃ 1 min, 每个循环下降 0.5℃; 然后在以下 条件下重复进行 19 个循环,循环条件为 94℃ 30 s, 45℃ 30 s, 72℃ 1 min; 最后 72℃保温 10 min。 5'-RACE 反应条件为: 94℃变性 3 min; 94℃ 30 s, 52℃ 30 s, 72℃ 30 s; 72℃保温 10 min。扩增产物用 1.2%琼脂糖凝胶电泳检查,回收目的片段。

1.5 RACE 产物的克隆、鉴定及序列测定

RACE 产物经电泳回收纯化后,连接到 T-easy 载 体上(按 Kit 说明进行), 然后转化大肠杆菌 DH5α, 挑 取白色菌落,培养后提取少量质粒(质粒提取参照 Sambrook 等^[23]的方法)用 EcoRI 酶切鉴定重组阳性克 隆。挑选含有目的片段的阳性克隆,放入含有 Amp100 μg·μl⁻¹的 LB 培养液震荡过夜,碱法提取质粒,采用 ABI377 全自动测序仪测序。

1.6 半定量 RT-PCR

半定量 RT-PCR 参考王桂荣等^[22],以1 µl cDNA 为模板,加入10×ExTaq 缓冲液 5 µl(含 Mg²⁺),正向 和反向引物各 1 µl(10 µmol·L⁻¹),内标基因 18S RNA 的扩增引物各 1 µl (18SS: 5'-TTAGTGAGGTCTTCGG ACCG-3'和 18SR: 5'-CTTCCGCAGGTTCCCCTACG-3'), 2.5 mmol·L⁻¹ dNTP 4 µl, *ExTaq* DNA 聚合酶 0.25 µl (5 U·µL⁻¹),加水至 50 µL。反应条件为:94℃ 3 min; 94°C 30 s, 55°C 1 min, 72°C 3 min, 30 个循环; 72 ℃ 10 min。PCR 产物用 1.2%的琼脂糖凝胶电泳检测。

结果与分析 2

以棉铃虫触角和足的 RNA 为模板, CSPS 和 3SITE 为引物进行 3'-RACE 扩增, 电泳回收 500~700 bp 的片段, 与 T-easy 载体连接, 转化大肠杆菌 DH5 α , 根据蓝白斑筛选阳性重组子,用 EcoRI 酶切进行鉴定, 确定重组子中含有目的片段,然后进行测序,测序结 果在 NCBI 上利用 BLAST 进行同源搜寻,结果表明 一条 600 bp 左右的片段与昆虫的 CSP 高度同源。根据 测定的这条序列设计了特异性引物进行 5'-RACE 反 应,结果得到了一条 300 bp 左右的特异性条带,同样 将这个片段连到 T-easy 载体上进行测序。

拼接 3'-RACE 和 5'-RACE 反应测序结果,得到了

编码棉铃虫的 CSP 的 cDNA 序列(图 1),命名为 CSPHarm,推定的氨基酸序列位于核苷酸序列之下。 序列拼接结果显示该序列全长 722 bp,阅读框长 381 bp,编码 127 个氨基酸残基,前 16 个氨基酸是信号肽 序列(http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP),预测成熟 蛋白分子量为 12.96 kD, 等电点为 5.15。为了证明 3'-RACE 和 5'-RACE 片段是来源于同一个基因, 根据 拼接的序列设计了一对特异性引物(CSPF 和 CSPR), PCR 扩增得到了一条特异性条带(图 2), 测序结果与 拼接序列一致。

-49

5'-TCATTCGCTTTCTTGCGATTACTGTTAACTAGACGAGCAAACGTGCATC											CATC	0						
ATG	AAA	GTC	CTG	CTA	GTA	CTG	TGC	CTA	TTC	GCC	GCG	GCG	GCC	СТА	GCT	GAT	GAC	54
Met	Lys	Val	Leu	Leu	Val	Leu	Cys	Leu	Phe	Ala	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Asp	Asp	
AAG	TAC	ACG	GAC	AAA	TAT	GAC	AAT	ATC	AAC	TTG	GAC	GAA	ATC	CTG	GAA	AAC	AAA	108
Lys	Tyr	Thr	Asp	Lys	Tyr	Asp	Asn	Ile	Asn	Leu	Asp	Glu	Ile	Leu	Glu	Asr	ı Lys	
CGA	CTG	CTG	CTT	GCG	TAC	GTC	AAC	TGT	GTT	ATG	GAA	AGG	GGA	AAG	TGC	AGT	CCT	162
Arg	Leu	Leu	Leu	Ala	Tyr	Val	Asn	Cys	Val	Met	Glu	Arg	Gly	Lys	Cys	Sei	Pro	
GAG	GGC	AAG	GAG	CTT	AAA	GAA	CAT	СТА	CAA	GAC	GCG	ATC	GAG	ACC	GGC	TGC	TCA	216
Glu	Gly	Lys	Glu	Leu	Lys	Glu	His	Leu	Gln	Asp	Ala	Ile	Glu	Thr	Gly	Cys	s Ser	
AAA	TGC	ACA	GAA	GCT	CAA	GAG	AAA	GGC	GCA	TAC	AAG	GTC	ATT	GAG	CAC	CTG	ATC	270
Lys	Cys	Thr	Glu	Ala	Gln	Glu	Lys	Gly	Ala	Tyr	Lys	Val	Ile	Glu	His	Leu	ı Ile	
AAG	AAT	GAG	CTG	GAC	ATC	TGG	CGC	GAG	CTG	GCT	GCC	AAG	TAC	GAC	CCC	AAG	GGA	324
Lys	Asn	Glu	Leu	Asp	Ile	Trp	Arg	Glu	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Asp	Pro	Lys	s Gly	
GAC	TGG	AGG	AAG	AAG	TAC	GAA	GAC	CGC	GCG	AGA	GCC	AAC	GGC	ATC	CAG	ATC	CCC	378
Asp	Trp	Arg	Lys	Lys	Tyr	Glu	Asp	Arg	Ala	Arg	Ala	Asn	Gly	Ile	Gln	Ile	e Pro	
GAA	TAA	ACCO	CACCA	AAATI	ΓΑΑΑ	CATA	AGCT/	AGCTO	GAGAT	TAGAT	TTTC	GATCA	CGCC	GATCO	GTCAT	TTG	ATGT	447
Glu	-																	
CATA	ACGAT	[CAA(CTTGA	ATCGI	TTTA	GCCAG	GTCT	GTCTO	GAGCI	TATCI	CAA/	ATTGC	CTCAA	TTT	ATCCI	CACT.	ACTTT	519
TACTCATTATTTTATTCGTTGTTATTCTTCTTTTATTGTACTGTGCTGAAAATTGTGATATACTTTGTAAT											591							
TATTTTGTCATGAACTTTATTTGTCTTATTTGTTTATTGTTTAATAAACCAAAGAAATCCGCAAAAAAAA												663						
ΑΑΑΑΑΑΑΑΑ-3'												673						

图 1 CSPHarm 基因的核苷酸序列及推导的氨基酸序列

Fig.1 Nucleotide and deduced amino acid sequences of CSPHarm gene



1. 标准分子量 DL2000; 2. 触角 cDNA 作为模板; 3. 足 cDNA 作为模板; 4. 蒸馏水代替 cDNA 作为模板

1. Molecular weight marker DL2000; 2. cDNA from antennae as template; 3. cDNA from leg as template; 4. No template

图 2 CSPHarm 基因的 PCR 扩增

Fig.2 PCR amplication of CSPHarm gene

利用 Kyte 和 Doolittle 等^[24]的方法对 CSPHarm 的 氨基酸序列进行亲水性分析,整个 CSPHarm 蛋白序 列具有强烈的亲水性,但是在第 20~30 位的氨基酸组 成一个亲脂性的结构,这一区域具有昆虫 CSPs 的保 守结构--RLL--Y--C-(图 3),这可能是结合亲脂性气味 物质的区域(图 4-A)。二级结构预测结果表明, CSPHarm 与其它昆虫的 CSP 一样主要形成α-螺旋, 而且 CSPHarm 与大多数昆虫 CSPs 一样,N端相应位 置的保守区(¹⁵-EIL-N-RLL--Y--C----³²)形成明显的α-螺旋(图 4-B),这一区域与以上提到的亲脂性区域重 叠,昆虫 CSPs 的这种结构使 CSPs 既能选择性结合亲 脂性气味物质,又能顺利穿过水溶性感受器淋巴液。

CSPHarm	MKVLLVLCLFDDKYTDK	23
CSP1Hvir	MARPDGAA <mark>YTD</mark> K	14
CSP2Hvir	MKFIVAVALLCLVAESWAASTYTDK	25
CSP3Hvir	TDK	3
CSP1Mbra	E <mark>DK</mark> YT <mark>D</mark> K	7
CSP1Bmor	MKVLIVLSCVDVAVLADVAVLADDKDDK	23
CSP1Msex	MKYLLVLCCVDDKYAAVVCDDKDDKYTDK	23
CSPAgam	MKLFVQDKYTSK	24
CSPCcac	MMKTSLVLLCC	26
CSPLmig		7
P10	MKCVAVFVIVAVVALAEAARFRRDCNADDKYTTK	30
OS-DDmel	MGQPGFRRAIGHVSLVVALMCTTCFQVEGLPHPPATSPSPMMERMVEQAYD <mark>DK</mark> .F	54
CSPHarm	YDNINLDETLENKRLLLAYVNOVMERCKCSPECKELKEHLODAIETCCSKCTEACEKC	81
CSP1Hvir	YDNVDLDEILSNRRLLVPYVKCILDQCKCAPDAKELKEHIIEALENECGKCTEAQKKG	72
CSP2Hvir	WDNINVDEILESQRLLKAYVDCLLDRGRCTPDGKALKETLPDALENECSKCTEKQKAG	83
CSP3Hvir	YVNINLDEILENKRLLLAYVNCVMERGKCSPEGKELKEHLQDAIETGCSKCTEAQEKG	61
CSP1Mbra	YDNINLDEILANKRLLVAYVNCVMERCKCSPEGKELKEHLQDAIENCCKKCAENCEKG	65
CSP1Bmor	YDKINLQEILENKRLLESYMDCVLGKGKCTPEGKELKDHLQEALETGCEKCTEAQEKG	81
CSP1Msex	YDNVNVDEILANERLLKGYVDCVLERCKCTPEGKELKEHLRDAIETCCKKCTKPQEEC	81
CSPAgam	YDNINVDEILKSDRLFGNYYKCLLDQCRCTPDGNELKRILPDALQTNCEKCSEKQRDG	82
CSPCcac	YDNINIQEILENKRLLEAY <mark>VNCVLDKG</mark> KC <mark>TPEGKELKEHLQEAIENG</mark> CEKC <mark>TE</mark> AQEKG	84
CSPLmig	YDNVNLDEILANDRLFDKYAQCLLEDGESNCTADGKELKKAVPDALSNECAKCNEKQKEG	67
P10	YDNI <mark>DLDEIL</mark> ASD <mark>RLLANYHKC</mark> LIEECKCTPDGEELK <mark>SHVSDALQNDC</mark> AKCSDKQRAG	88
OS-DDmel	. DNVDLDEILNQERILINYIKCLEGTGPCTPDAKMLKEILPDAIQTDCTKCTEKQRYG	111
CSPHarm	AYKVTEHUTKNELDIWREUAAKYDE AYKVTEHUTKNELDIWREUAAKYDE	127
CSP1Hvir	TRRVIGHLINNEADYWNELTAKFDPEKKYVOKYEKELKEVKA	114
CSP2Hvir	SDKVIRYLVNKRODLWKELSAKYDPNNIYODRYKDKIEAVKGO	126
CSP3Hvir	AYKVIEHLIKNELDIWRELTAKYDPKGDWR.KYEDRARANGIOIPE	106
CSP1Mbra	AYRVIEHLIKNEIEIWRELTAKYDPTGNWRKKYEDRAKAAGIVIPEE	112
CSP1Bmor	AETSIDYLIKNELEIWKE <mark>I</mark> TAHFDPDGKWRK <mark>KY</mark> EDRAKAKGIVIPE	127
CSP1Msex	ATKVIDFLIKNKLEVWREIVAKFDPEGKWRKKYEDRARANGIVIPE	127
CSPAgam	AIKVINYLIONRKDOWDVLOKKFDPENKYLEKYRGOAOKEGIKLD	127
CSPCcac	AYT <mark>VIEHLIKNEIEIWRQLADKFDP</mark> ERKYRK <mark>KYED</mark> RARAKGIEIPE	130
CSPLmig	TKK <mark>VLKHLINH</mark> KPDVWQKLKAKYDPDGTYSKKYEDREKELHQ	109
P10	AEKVINFUYNKKKPMWESLQKKYDPENTYVTKYADRLKELHD	130
OS-DDmel	AEKVTRHLIDNRPTDWERLEKIYDPEGTYRIKYQEMKSKANEEP	155

星号表示 4 个保守的半胱氨酸残基

The four characteristic cysteines are indicated by asterisks

Heliothis virescens CSPs (CSP1Hvir, CSP2Hvir, CSP3Hvir)^[15], Mamestra brassicae CSP (CSP1Mbra)^[25], B.mori (CSP1Bmor)^[14], Maduca sexta CSP (CSP1Msex)^[26], Anopheles gambiae CSP (CSPAgam)^[27], Cactoblastis cactorum (CSPCcac)^[13], Locusta migratoria (CSPLmig)^[28], P.americana p10^[29], Drosophila OS-D^[9]

图 3 棉铃虫 CSPHarm 氨基酸序列与 CSP 家族其它蛋白氨基酸序列同源性比较

Fig. 3 Alignment of amino acid sequences of CSPHarm with other proteins of the CSP family

为了明确 CSPHarm 在棉铃虫体内的时空表达, 用半定量 RT-PCR (Semi-quantitative RT-PCR) 对棉铃 虫不同组织和不同发育时期 CSPHarm 的表达量进行 了分析,结果显示,CSPHarm 在棉铃虫头、胸、腹、 足、翅和触角等组织中表达量都很高,在不同组织中 的表达量没有明显的区别(图 5-A),在卵、幼虫、蛹和 成虫体内也都有表达, 在卵中表达量相对较低, 在成 虫体内表达量较高(图 5-B)。

本研究克隆的基因推导的氨基酸序列具有昆虫化 学感受蛋白的典型特征,即序列中有4个保守的半胱 氨酸残基(图 3),呈酸性,分子量在 13kD 左右,并且 CSPHarm 与已报道的其它昆虫的化学感受蛋白的氨 基酸序列有很高的同源性(表)。

CSPHarm 在棉铃虫体内的时空表达情况与棉铃 虫气味结合蛋白在触角中专一性表达不同,这可能与 它们的功能有关,因为棉铃虫主要通过触角感受外界 的挥发性气味分子,而对于化学刺激的识别除了触角

讨论 3



В

CSPHarm:HHHHHHHhhhhhhhhhhhhhhhhhhhHh
CSP2Hvir:hhhHHHHHHHHHHHHHHHHHHhHHHHHhhhhHH hhhHHHhhhhHHHHHHhhhhhHHHHHH
CSP3Hvir:ННННННЫЫЫЫЫЫЫЫЫЫЫЫНННННННЫЫ
CSP1Msex:hhhHHHHHHhhhhhhhhhhhhhhhhhhhhhhhh
CSP1Bmor:hHhhhhhhHHhhhhHHHhhhhHHHHHHHH
OS-Ddmel:hHHHHHHHHHHhhhHHHHHHhhhhhhhhhHhHHHHHH

A.亲脂性预测根据 Kyte and Doolittle^[24]的方法,窗口大小(window size)选 10,正值表示亲脂性(箭头表示 CSPs 中保守的亲脂性结合区),负值表示亲水性; B.用 DNASIS 软件进行二级结构预测,选用 Chou and Fasman 的方法

A. Hydropathy profiles were predicted according to Kyte and Doolittle (window size=10 amino acids)^[24]. Hydropathy plots indicate hydrophobicity by positive values (Arrowhead shows hydrophobic binding region) and hydrophilicity by negative values; B. These secondary structures were predicted by DNASIS software according to the representation of Chou and Fasman

图 4 棉铃虫 CSPHarm 的二级结构和亲水性预测

Fig. 4 Predicted secondary structures and hydropathy profiles of CSPHarm



A. M 为标准分子量 DL2 000; 1~7 分别为头、胸、腹、足、翅、雌蛾触角、雄蛾触角; 8. 总 DNA 为模板; 9. 不加模板的负对照 B. M 为标准分子量 DL2 000; 1~9 分别为卵、1 龄幼虫、3 龄幼虫、5 龄幼虫、前期蛹、蛹中期、蛹后期、刚羽化成虫和羽化 5 天成虫; 10. 总 DNA 为模板; 11. 不加模板的负对照

A. M: standard molecular weight, DL2000; 1–7: Head, thorax, abdomen, leg, wing, female antenna and male antenna; 8. Total DNA as template; 9. Without template. B. M: standard molecular weights, DL2 000; 1–9. Egg, larva of first instar, larva of third instar, larva of fifth instar, prophase pupae, metaphase pupae, anaphase pupae, new eclosion imago and fifth imago after eclosion; 10. Total DNA as template; 11. Without template

图 5 CSPHarm 在棉铃虫不同组织和不同发育时期的表达

Fig.5 Expression of CSPHarm in different tissues and developmental phases of H.armigera

3	8	卷

Table The holiology of CST holin histers (76)											
	CSP	CSP1	CSP2	CSP3	CSP1	CSP1	CSP1	CSP	CSP	CSP	D10
	Harm	Hvir	Hvir	Hvir	Mbra	Bmor	Msex	Agam	Ccac	Lmig	PIU
CSPHarm	-										
CSP1Hvir	55	-									
CSP2Hvir	51	51	-								
CSP3Hvir	98	56	54	-							
CSP1Mbra	86	56	49	86	-						
CSP1Bmor	72	54	43	73	72	-					
CSP1Msex	75	51	48	76	75	70	-				
CSPAgam	48	47	53	47	46	48	51	-			
CSPCcac	72	58	47	77	76	71	64	49	-		
CSPLmig	51	51	50	49	52	46	52	49	45	-	
P10	46	48	44	46	50	42	48	56	40	58	-
OS-Ddmel	43	43	38	46	45	38	43	49	37	46	48

表 昆虫 CSP 的氨基酸序列同源性比较

外,其它的组织如足和喙等,因此,CSPHarm除了在触角中表达外,在其它的组织中也有表达。

迄今为止,已经克隆了来自 5 个目的 10 种昆虫共 计 40 多个 CSPs 基因,很多昆虫中存在多个 CSP 基因, 对于 CSPs 基因的功能主要是通过基因的结构和分布 进行的预测,而能直接证明 CSPs 功能的研究很少^[25], 国内仅对直翅目的蝗虫进行过研究^[28]。本研究已将克 隆的棉铃虫 *CSPHarm* 基因亚克隆到表达载体上进行 了表达,为研究该基因编码蛋白的空间结构及生理功 能奠定了基础。

4 结论

本研究从棉铃虫触角中克隆了一个编码棉铃虫化 学感受蛋白的基因,虽然该基因推导的氨基酸具有强 烈的亲水性,但是在第 20~30 位的氨基酸组成一个亲 脂性的结合结合亲脂性气味物质的区域。该基因在棉 铃虫头、胸、腹、足、翅和触角等组织中表达量都很 高,在不同组织中的表达量没有明显的区别,在卵、 幼虫、蛹和成虫体内也都有表达,在卵中表达量相对 较低,在成虫体内表达量较高。

References

- Vogt R G. Biochemical diversity of odor detection: OBPs, ODEs, SNMPs. In: *Insect Pheromone Biochemistry and Molecular Biology*. Edited by Blomquist G and Vogt R. Elsevier Academic Press. 2003: 392-445.
- [2] Vogt R G, Riddiford L M. Pheromone binding and inactivation by moth antennae. *Nature*, 1981, 293: 161-163.
- [3] Pelosi P, Maida R. Odorant-binding proteins in insects. Comparative

Biochemistry and Physiology B: Biochemistry and Molecular Biology, 1995, 111(3): 503-514.

- [4] Sandler B H, Nikonova L, Leal W S, Clardy J. Sexual attraction in the silkworm moth: Structure of the pheromone- binding- proteinbombykol complex. *Chemical Biology*, 2000, 7: 143-151.
- [5] 王桂荣,郭予元,吴孔明. 昆虫触角气味结合蛋白研究进展. 昆虫学报, 2002, 45(1), 131-137.
 Wang G R, Guo Y Y, Wu K M. Progress in the studies of antenna odorant binding proteins of insects. *Acta Entomologica Sinica*, 2002, 45(1): 131-137. (in Chinese)
- [6] Steinbrecht R A, Laue M, Ziegelberger G. Immunocytochemical of pheromone-binding protein and general odorant-binding protein in olfactory sensilla of the silk moth *Antheraea* and *Bombyx. Cell Tissue Research*, 1995, 282: 203-217.
- [7] Wang G R, Wu K M, Guo Y Y. Cloning, expression and immunocytochemical localization of a general odorant-binding protein from *Helicoverpa armigera* (Hübner). *Insect Biochemistry* and Molecular Biology, 2003, (33): 115-124.
- [8] Wang G R, Guo Y Y, Wu K M. Molecular cloning, bacterial expression of pheromone binding protein in the antenna of *Helicoverpa armigera* (Hübner). Archives of Insect Biochemistry and Physiology, 2004, 57(1): 15-27.
- [9] McKenna M P, Hekmat S D S, Gaines P, Carlson J R. Putative Drosophila pheromone-binding proteins expressed in a subregion of the olfactory system. Journal of Biological Chemistry, 1994, 269:16 340-16 347.
- [10] Pikielny C W, Hasan G, Rouyer F, Rosbash M. Members of a family of *Drosophila* putative odorant-binding proteins are expressed in different subsets of olfactory hairs. *Neuron*, 1994, 12: 35-49.

- [11] Angeli S, Ceron F, Scaloni A, Monti M, Monteforti G, Minnocci A, Petacchi R, Pelosi P. Purification, structural characterization, cloning and immunocytochemical localization of chemreception proteins from *Schistocerca gregaria*. *European Journal of Biochemistry*, 1999, 262: 745-754
- [12] Tuccini A, Maida R, Rovero P, Mazza M, Pelosi P. Putaive odorant-binding protein and general odorant-binding protein in antennae and legs of *Carausius morosus* (Insecta, Phasmatodea). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 1996, 26: 19-24.
- [13] Maleszka R, Stange G. Molecular cloning, by a novel approach, of a cDNA encoding a putative olfactory protein in the labial palp of the moth *Cactoblasts cactorum. Gene*, 1997, 202: 39-43.
- [14] Picimbon J F, Dietrich K, Angeli S, Scaloni A, Kriger J, Breer H, Pelosi P. Purification and molecular cloning of chemosensory proteins from *Bombyx mori. Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, 2000, 44: 120-129.
- Picimbon J F, Dietrich K, Kriger J, Breer H. Identity and expression pattern of chemosensory proteins in *Heliothis virescens* (Lepidopter, Noctuidae). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 2001, 31: 1 173-1 181.
- [16] Marchese S, Angeli S, Andolfo A, Scanloni A, Brandazza A, Mazza M, Picimbon J F, Leal W S, Pelosi P. Soluble proteins from chemosensory organs of *Eurycantha calcarata* (Insects, Phasmatodea). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 2000, 30: 1 091-1 098.
- [17] Nagnan-Le P, Cain A H, Jacquin-Joly E, Francois M C, Ramashadran S, Maida R, Steinbrecht R A. Chemosensory proteins from the proboscis of *Mamestra brassicae*. *Chemical Senses*, 2000, 25: 541-553
- [18] Danty E, Arnold G, Huet J C, Masson C, Pernollet J C. Separation, characterization and sexual heterogeneity of multiple putative odorant-binding proteins in the honey bee *Apis mellifera* L. (Hymenoptra: Apidea). *Chemical Sense*, 1998, 23: 83-91.
- [19] Briand L, Swasdipan N, Nespoulous C, Bezirard V, Blon F, Huet J C, Ebert P, Penollet J C. Characterization of a chemosensory protein (ASP3c) from honeybee (*Apis mellifera* L.) as a brood pheromone carrier. *European Journal of Biochemistry*, 2002, 269(18): 4 586-4 596.

- [20] Kitabayashi A N, Arai T, Kubo T, Natori S. Molecular cloning of Cdna for p10, a novel protein that increase in the regenerating legs of Periplaneta Americana (American cockroach). *Insect Biochemistry* and Molecular Biology, 1998, 28: 785-790.
- [21] Riviere S, Lartigue A, Quennedey B, Campanacci V, Farine J P, Tegoni M, Cambillau C, Brossut R. A pheromone-binding protein from the cockroach *Leucophaea maderae*: cloning, expression and pheromone binding. *The Biochemical Journal*, 2003, 371: 573-579.
- [22] 王桂荣,吴孔明,梁革梅,郭予元. 棉铃虫中肠钙粘蛋白基因的 克隆、表达及 Cry1A 结合区定位. 中国科学, 2004, 34(6): 537-546.
 Wang G R, Wu K M, Liang G M, Guo Y Y. Gene cloning, expression of cadherin in midgut of *Helicoverpa armigera* and its Cry1A binding region. *Science in China*, 2005, 48(4): 346-356.
- [23] Sambrook K J, Fritsch E F, Maniatis T. Molecular Cloning: a Laboratory Manual. 2nded Cold Spring Harbor Laboratory, New York. 1989.
- [24] Kyte J, Doolittle R F. A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *Journal of Molecular Biology*, 1982, 157:105-132.
- [25] Jacquin-Joly E, Vogt R G, Francois M C, Naganan-Le P M. Functional and expression pattern analysis of chemosensory proteins expressed in antennae and pheromonal gland of *Mamestra brassicae*. *Chemical Senses*, 2001, 26: 833-844.
- [26] Robertson H M, Martos R, Sears C R, Todres E Z, Walden K K, Nardi J B. Diversity of odourant binding proteins revealed by an expressed sequence tag project on male *Manduca sexta* moth antennae. *Insect Molecular Biology*, 1999, 8(4): 501-518.
- [27] Biessmann H, Walter M F, Dimitratos S, Woods D. Isolation of cDNA clones encoding putative odourant binding proteins from the antennae of the malaria-transmitting mosquito, *Anopheles gambiae*. *Insect Molecular Biology*, 2002, 11: 123-132.
- [28] Ban L, Scaloni A, Brandazza A, Angeli S, Zhang L, Yan Y, Pelosi P. Chemosensory proteins of *Locusta migratoria*. *Insect Molecular Biology*, 2003, 12(2): 125-134.
- [29] Nomura A, Kawasaki K, Kubo T, Natori S. Purification and localization of p10, a novel protein that increases in nymphal regenerating legs of *Periplaneta Americana* (Amercian cockroach). *International Journal of Developmental Biology*, 1992, 36: 391-398.