

线粒体基因和核基因在蝶类分子系统学中的研究进展

A Progress in the Molecular Systematics of Butterflies Based on Mitochondrial Gene and Nuclear Gene

时号¹,张婧²,蒋国芳¹

SHI Hao¹,ZHANG Jing²,JIANG Guo-fang¹

(1. 南京师范大学生命科学学院,江苏省资源生物重点实验室,江苏南京 210097;2. 江苏省淮阴中学,江苏淮安 223002)

(1. Jiangsu Key Laboratory for Bioresource Technology, College of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing, Jiangsu, 210097, China; 2. Huaiyin Middle School in Jiangsu, Huaian, Jiangsu, 223002, China)

摘要:综述 16S rDNA, Cyt b, CO I, CO II, ND5 等线粒体基因和 OPS1, Period, Tpi, Mpi, EF-1a, Wingless 等核基因在蝶类分子系统学中的应用,认为通过系统学的研究,可以明确蝴蝶各分类阶元之间的进化关系,确立一些有争议物种的分类地位以及进行相关物种的系统地理探讨。运用线粒体基因序列与核基因序列相结合来研究生物的系统发育是分子系统学领域的一种必然发展趋势,它可以为我们解决蝶类分类问题提供分子上的证据。

关键词:蝴蝶 分子系统学 线粒体 核基因

中图分类号:Q969 文献标识码:A 文章编号:1005-9164(2006)02-0156-05

Abstract: Application of mitochondrial gene (16s rDNA, Cyt b, CO I, CO II, ND5, et al.) and nuclear gene (OPS1, Period, TPI, MPi, EF-1a, Wingless, et al.) in the molecular systematics of butterflies are summarized in this paper. Based on some systematical reasearch, we can apprehend expressly the evolutionary status of each taxon of butterflies, confirm the status of some controversial species and study phylogeography of some related species. It is a trend that organism phylogenetic analyses are based on the combination of mitochondrial genes and nuclear genes because it can provide us with some molecular evidence to solve the classification of butterflies.

Key words: butterfly, molecular systematics, mitochondrial, nuclear gene

蝴蝶是一种颇具观赏性的昆虫类群,它越来越受到国内外许多学者重视并加以研究。前人主要根据蝴蝶的外型与色斑、附器(眼、触角、须、喙、足等)、翅脉及雄性外生殖器的特征,幼态特征和生活习性进行分类学和生态学研究^[1],随着分子生物学技术的发展,特别是聚合酶链式反应(PCR)技术的广泛应用,DNA 序列为生物系统学的研究提供了分子水平上的证据。目前,国内外已有许多学者联合运用多基因(包括线粒体基因和核基因)进行系统学与进化生物学的研究。本文将近年来线粒体基因和核基因在蝶类系统学研究中的应用情况进行简要综述,旨在为今后蝶类

分子系统学研究提供一些基本资料。

1 线粒体基因在蝶类分子系统学中的应用

线粒体基因一共 37 个,常被用来研究蝶类分子系统学的主要有 16S 核糖体 DNA (16S rDNA)、细胞色素 b(Cyt b)、细胞色素氧化酶 I (CO I)、细胞色素氧化酶 II (CO II) 以及还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸第 5 亚基(ND5)基因,在这几个基因中,16S rDNA 基因和 Cytb 基因相对比较保守,CO I、CO II 以及 ND5 基因进化速度比较快。

1.1 16S rDNA 基因

16S rDNA 序列较保守,适合于种、属水平以及属以上水平的研究,可以很方便地用保守引物或通用引物定位并进行 PCR 扩增,所以对其测序较多^[2~6]。Wahlberg 和 Zimmermann^[4]测定了鳞翅目蝶蝶科网

收稿日期:2005-11-15

修回日期:2005-12-31

作者简介:时号(1981-),男,硕士研究生,主要从事昆虫分子系统学研究。

蛱蝶族 Melitaeini 13 属 77 个物种的 16S rDNA 和 CO I 基因的部分序列,结果显示,大多数前人定义的属都是并系的,其中堇蛱蝶 *Euphydryas* 群, *Phyciodes* 群, *Chlosyne* 群和网蛱蝶 *Melitaea* 群是单系群,它们的系统发育树暗示 melitaeines 起源于新北区,然后曾三次扩散到新热带区和两次扩散到古北区。

1.2 Cyt b 基因

Cyt b 基因相对也比较保守,适于种、属水平的分子系统学研究^[7,8]。陈永久等^[7]测定了云南白马雪山的 4 种和新疆天山的 1 种共 5 种珍稀绢蝶的线粒体 DNA 的 Cyt b 基因部分序列,研究表明爱珂绢 (*Parnassius acco*) 和巴裔绢蝶 (*Parnassius baileyi*) 的亲缘关系比较近,阿波罗绢蝶 (*Parnassius apollo*)、珍珠绢蝶 (*Parnassius orleans*) 和西猴绢蝶 (*Parnassius simo*) 3 种绢蝶均为相对独立的一支,其中西猴绢蝶分化较早,与形态学结果相吻合。

1.3 CO I、CO II 基因

CO I、CO II 基因进化速度快,国外许多学者用这两个基因开展了蝴蝶分析系统学的研究^[8~11]。Brunton 等^[9]用 CO I 基因的部分序列研究了粉蝶科钩粉蝶属 (*Gonepteryx*) 7 个物种,系统发育树推断,3 个加那利群岛的地方物种 *G. cleobule*、*G. palmae* 和 *G. eversi* 分别起源于 Tenerife、La Palma 和 Gomera。Rand 等^[10]用 CO I 基因研究了位于南非的灰蝶科富妮灰蝶族 (Aphnaeini) 的 26 个物种,其进化树与 Heath 在 1997 年提出的依形态特征而制定的系统假说相一致,原先存在的 *Chrysoresis*、*Poecilmitis* 和 *Oxychaeta* 属应合并为 *Chrysoresis* 属。Reed 和 Sperling^[11]用线粒体 CO I、CO II 基因的全长和核基因的 EF-1 a 基因联合分析了凤蝶科凤蝶属 (*Papilio*) 的 23 个种和亚种的个体,向我们展示了如何联合运用线粒体基因和核基因来进行系统分析,即线粒体基因和核基因分开来构树,然后联合起来分析数据的方法。Nice 和 Shapiro^[12]用 CO I 基因研究了分布于内华达州(美国西部内陆州)的眼蝶科 *Oeneis chryxus stanislaus* 种群和 *Oeneis ivallda* 种群,结果不支持 Hovanitz 在 1940 年提出的观点(即 *O. c. stanislaus* 种群是沿着大盆地扩散到了内华达州中心山区从而替代了 *O. ivallda* 种群),但是支持 *Oeneis* 属物种是沿着大盆地扩散到了加利福尼亚,这就证明了内华达州山区高山种群是沿着大盆地扩散开来的。

Vandewoestijne 等^[13]测定了 23 个地点的蛱蝶科荨麻蛱蝶 (*Aglais urticae*) 的 68 个个体的 CO I 基因和控制区的序列,他们把 mtDNA 序列的不同和生态

的趋异在各亚种内和亚种间作比较,认为高的基因流和目前突发的扩散使得物种的遗传种群结构特化,他们并未发现地理所引起的趋异和亚种作为分离的进化单元;遗传和生态变异之间的不协调最大的可能是相对于生态上的不同,mtDNA 进化的速度较慢;他们还发现,与其他物种相比,控制区不适合用来对 *Aglais urticae* 的系统发育重建(A+T=90.91%)。王戎疆等^[14,15]运用 CO II 基因的部分序列研究了二尾蛱蝶的遗传分化以及台湾海峡对其分化的影响和我国尾蛱蝶属 5 种蝴蝶的系统分化,研究结果表明,尾蛱蝶属蝴蝶分为两大分支,一支包括大二尾蛱蝶、二尾蛱蝶和忘忧尾蛱蝶,另外一个分支包括窄斑凤尾蛱蝶和黑凤尾蛱蝶;台湾和大陆二尾蛱蝶的 CO II 基因有 0.75%~1% 的差异,估算其分化时间在 37.5 万~50 万年前;台湾和大陆二尾蛱蝶间明显的基因差异可能与它们分属不同亚种有关,而大陆上不同地区的二尾蛱蝶也有较大的基因差异,推测大陆二尾蛱蝶可能存在 2 个亚种。

1.4 ND5 基因

Yagi 等^[16]对绢蝶属的冰清绢蝶 (*Parnassius glacialis*) 和白绢蝶 (*Parnassius stubbendorffii*) 与虎凤蝶属的虎凤蝶 (*Luehdorfia puziloi*)、*Sericinus montela* 和 *Luehdorfia japonica* 以及凤蝶科其它的物种,用 ND5 基因的部分片段测序,系统发育树显示,形态上本应聚在一起的 Parnassiini 族和 Zerynthiini 族发生了明显的分歧。绢蝶飞行速度缓慢且不进行迁徙,因此不同地区的小种群很快会发生隔离,冰清绢蝶和白绢蝶除了身体的颜色以外,在形态上极为相似,其翅脉几乎完全相同,但是,系统发育分析结果显示:它们是两个完全不同的物种,起源于一个共同的祖先,在 100 万到 200 万年前发生了分化^[17]。

Omoto 等^[18]对阿波罗蝴蝶近 50 个个体以及绢蝶亚科其它属的 7 个个体的 ND5 基因的部分片段做了测序,系统发生树显示:尽管置信度较低,但是,所有的阿波罗蝴蝶明显地被分为 8 个族,在这 8 个族中,有些本不应该聚在一起的种或亚种聚在了一起,这与通过形态来划定这些族产生了分歧。

Omoto^[18]还比较了绢蝶属 *Parnassius* 和绢蝶亚科的其它属(即 *Hypermnestra*、*Archon*、*Zerynthia*、*Allancastris*、*Sericinus* 和 *Luehdorfia*) 的谱系,惊奇地发现 *Hypermnestra* 属的物种与绢蝶属的物种表现出紧密的遗传相似性,尽管是较低的置信度,NJ 和 MP 树都显示了相同的结果。此外,有意思的是, *Archon* 属的物种与 Zerynthiini 族的物种聚在了一起,而不是与 Parnassiini 族的物种聚在一起,这与目前的分类有

了较大的冲突。这些结果都是 Omoto 等人始料未及的,因为 *Hypermnestra* 属的物种不管是在形态上还是在幼虫所寄生的植物方面都表现了较大的差异。Häuser^[19]曾严格地分析 *Hypermnestra* 属在凤蝶科中的分类地位,他指出这个属形态上明显地不同于绢蝶亚科其它的属,可能在分类上不应归于绢蝶亚科。

2 核基因在蝶类分子系统学中的应用

核基因的种类很多,运用于蝶类分子系统学研究的基因有肌动蛋白、血淋巴中芳基蛋白、多巴脱羧酶、延长因子 1 a(EF-1 a)、甘氨酸 6 磷酸脱氢酶、溶菌酶内含子、视蛋白(Opsin)、周期(Period)、磷酸烯醇丙酮酸激酶、丙糖磷酸异构酶(Tpi)、甘露糖磷酸异构酶(Mpi)和无翅等基因^[20]以及核糖体的 18S rDNA^[21]。

2.1 OPS1 基因

Hsu 等^[22]用 OPS1 基因研究了蛱蝶科 *Heliconius* 属蝴蝶的 8 个物种并以蛱蝶科 *Dryas iulia* 为外群,其结果和 Brower 在 1997 年以 CO I、CO II 以及 Wingless 基因所进行的系统发育相一致,他们认为在此基因中,特定位点的分析显示,氨基酸替代的积聚已经促进 *Heliconius* 属物种翅膀颜色差异的形成。Hsu 等同时研究了视蛋白中的位点氨基酸的替代,发现这些氨基酸的替代可能与载色体和 G 蛋白密切相关,8 个物种中有 15 个氨基酸被替代,在一个位点中发现的一个非保守的替代或许可以说明视蛋白基因和 G 蛋白是协同进化的。

2.2 Period 基因

Regier 等^[23]测定了鳞翅目 26 个物种(其中包括蛱蝶科 2 个种和粉蝶科 1 个种)的 Period 基因长达 909bp 的片段分析,发现紧密关联的物种氨基酸的替代率分别是另外两个核基因 DDC(多巴脱羧酶)和 EF-1 a 基因的 4.9 和 44 倍,相比之下,在三个基因中观察到的同义替代在 60% 以内,同其它核基因相比,Period 基因可以对科及科以下的阶元的系统发育提供强有力的分子证据,他们认为将 Period 基因和其它基因相结合仍是解决鳞翅目科间及亚科间关系的一条合适的途径。

2.3 Tpi、Mpi 基因

Beltra'n 等^[24]测定了鳞翅目 *Heliconius* 属的 25 个物种及相关属的物种共 37 个个体的性染色体的 Tpi、常染色体的 Mpi 和 CO I、CO II 基因片段,结果显示,尽管核内含子序列的进化速度和线粒体基因比较接近,但是对于紧密联系的地理种群,内含子序列在系统发育的利用是受限制的,对于姐妹物种对 *Heliconius erato*-*Heliconius himera* 和 *Heliconius*

melpomene-*Heliconius cydno*, 基因片段差异较大。在 mtDNA 和 Tpi 基因中,他们未发现任何一个物种相关的姐妹种存在相互单系还是并系的关系;相比之下,Mpi 基因的第 3 个座位的等位基因在上述的两个姐妹种中都显示了清晰的系统发育关系;此外,Mpi 和 Tpi 两个基因中不协调的谱系与正在进行基因适应的物种形成模型是相一致的,这就可以论证运用多个基因来研究系统发生关系的必要性。

Blum 等^[25]用 CO I、CO II、Leucine tRNA 以及 Tpi 基因共同研究了蛱蝶科 *Anartia* 属的物种,系统地分析了各个物种之间的关系,这些分子数据证实了早期形态特征划定的姐妹物种关系,虽然线粒体基因和核基因的进化树都证实了 *Anartia jatrophae* 和它的 *Anartia* 属所有物种不是姐妹群,但却和 *Anartia fatima*-*Anartia amathea* 是姐妹群。这明显不同于物种形成的传统解释,因为传统的解释是依据 *A. jatrophae* 及同属的物种是姐妹群。

2.4 EF-1 a 基因

Monteiro 和 Pierce^[26]运用 CO I、CO II 和 EF-1a 基因长达 3,000bp 的序列分析了蛱蝶科 *Bicyclus* 属已知的 80 个物种的 54 个物种,他们构建了单独一个基因数据的树拓扑结构和多个基因联合起来的树,用来分析的大多数系统发生信号都来自第 3 个密码子的沉默替代,核基因对于进化树不能显示出强有力的支持,他们认为,为了使树遵循以前的形态学研究,从选定的拓扑结构中移动一些分支到树的其它的地方,这种做法并没有显著地影响树的长度。

Wahlberg 等^[27]分析鳞翅目蛱蝶科 10 个亚科 54 个模式物种的 CO I、EF-1 a 以及 Wingless 基因的部分序列,结果发现,虽然 CO I 基因的数据与核基因的数据分歧较大且 CO I 构出了较差的树的拓扑结构(CO I 基因的第 3 个密码子的转换过饱和),但是联合 3 基因构出的拓扑结构却很好(去除 CO I 基因的第 3 个密码子还是保留得到相同的拓扑结构);根据系统发生树,他们明确地提出了蛱蝶科各亚科之间的关系,并纠正了传统分类上的一些错误,建议线蛱蝶亚科 Limenitidinae 应划分为 Limenitidinae、Biblidinae 和 Cyrestinae,而 Coeini 族属于蛱蝶科。

2.5 Wingless 基因

Wingless 基因是一个单拷贝的核基因,对翅膀样式的形成起重要的作用^[28]。由于翅膀的样式是昆虫鉴定中的一个重要标准,因此 Wingless 基因有望成为研究昆虫系统发育的一个重要的候选基因。Brower 等^[26]对蛱蝶科的 22 个物种的 Wingless 和 CO II 基因测序,系统发育分析 2 树的结构基本一致,他们认为

Wingless 基因将成为研究蝴蝶、也可能是研究其它在 6000 万年前分歧的昆虫系统发育的一个有用的基因,因此,联合运用 Wingless 和 CO II 基因对蝶类的系统发育研究具有重要的意义。

Brower^[29]用长 378bp 的 Wingless 基因序列片段,以 3 种粉蝶科 Pieridae 物种为外群对蛱蝶科 103 个个体作了系统发育分析,探讨了蛱蝶科亚科和各族的系统发生关系,得到的序列高度类似,并且简约法得到的进化树支持传统意义上的形态分类,这表明这段短的序列探讨蝶类的系统发育是可行的。

Campbell 等^[30]测定了鳞翅目的蛱蝶科 (Riodinidae), 灰蝶科 (Lycaenidae) 和蛱蝶科 (Nymphalidae) 的 34 个代表种和 4 个外群的 Wingless 基因的 350bp 序列,简约法得到的进化树支持蛱蝶科和灰蝶科分别是单系群,二者互为姐妹群,但在蛱蝶科中,却没有得到明确的系统发育结果。有学者已经探讨了一些关于第 3 个密码子信号怎样构建较好的进化树的假说,最大似然法显示了这些包含在位点间的变异速度;而核甘酸的偏异则被认做是这些数据中的第 3 个位点的显著特征^[30]。理解了以第 3 个密码子信号为基础的机制,是运用适当的模型来分析包含在每一个谱系中特定的进化过程的前提条件。

3 结束语

通过系统学的研究,我们可以解决蝴蝶各分类阶元之间的进化关系和一些有争议物种的分类地位的确立以及相关物种的系统地理探讨等。目前中国的分类体系是基于传统的形态学分类^[1,31,32],分子上的证据还很匮乏。综上所述,运用线粒体基因序列与核基因序列相结合来研究生物的系统发育是分子系统学领域的一种必然发展趋势,它可以为我们解决蝶类分类问题提供分子上的证据。

参考文献:

[1] 周尧. 中国蝴蝶分类与鉴定[M]. 郑州:河南科学技术出版社,1998.

[2] PASHLEY D P, KE L D. Sequence evolution in mitochondrial ribosomal and ND-1 genes in Lepidoptera: Implications for phylogenetic analyses[J]. Mol Biol Evol, 1992, 9(6):1061-1075.

[3] AUBERT J, LEGAL L, DESCIMON H, et al. Molecular phylogeny of swallowtail butterflies of the tribe Papilionini (Papilionidae, Lepidoptera) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1999, 12(2):156-167.

[4] WAHLBERG N, ZIMMERMANN M. Pattern of phylo-

genetic relationships among members of the tribe Melitaeini (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from mitochondrial DNA sequences [J]. Cladistics, 2000, 16: 347-363.

[5] MATIN J F, GILLES A, DESCIMON H. Molecular phylogeny and evolution patterns of the European satyrids (Lepidoptera: Satyridae) as revealed by mitochondrial genes sequences [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2000, 15(1):70-82.

[6] ZIMMERMANN M, WAHLBERG N, DESCIMON H. Phylogeny of *Euphydryas* checkerspot butterflies (Lepidoptera: Nymphalidae) based on mitochondrial DNA sequences data [J]. Ann Entomol Soc Am, 2000, 93 (3):347-355.

[7] 陈永久, 张亚平, 沈发荣, 等. 中国 5 种珍稀绢蝶非损伤性取样 mtDNA 序列及系统进化 [J]. 遗传学报, 1999, 26(3):203-207.

[8] TORRES E, LEES D C, VANE-WRIGHT R L, et al. Examining monophyly in a large radiation of Madagascan Butterflies (Lepidoptera: Satyinae: *Mycalesina*) based on mitochondrial data [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2000, 20(3):460-473.

[9] BRUNTON C F A, HURSTH G D D. Mitochondrial DNA phylogeny of Brimstone butterflies (genus *Gonepteryx*) from the Canary Islands and Madeira [J]. Biological Journal of the Linnean Society, 1998, 63: 69-79.

[10] RAND D B, HEATH A, SUDERMAN T, et al. Phylogeny and life history evolution of the genus *Chrysothrix* within the Aphnaeini (Lepidoptera: Lycaenidae), inferred from mitochondrial *Cytochrome oxidase I* sequences [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2000, 17(1):85-96.

[11] REED R D, SPERLING F A H. Interaction of process partitions in phylogenetic analysis: An example from the swallowtail butterfly Genus *Papilio* [J]. Mol Biol Evol, 1999, 16(2):285-297.

[12] NICE C C, SHAPIRO A M. Patterns of morphological, biochemical, and molecular evolution in the *Oeneis chryxus* complex (Lepidoptera: Satyridae): A test of historical biogeographical hypotheses [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2001, 20(1):111-123.

[13] VANDEWOESTIJNE S, BAGUETTE M, BRAKE-FIELD P M, et al. Phylogeography of *Aglaia urticae* (Lepidoptera) based on DNA sequences of the mitochondrial COI gene and control region [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2004, 31: 630-646.

[14] 王戎疆, 万宏, 雷光春, 等. 我国不同地区二尾蛱蝶线粒

- 体细胞色素氧化酶 I 的 DNA 序列差异[J]. 北京大学学报:自然科学版,2003,39(6):775-779.
- [15] 王戎疆,万宏,龙玉,等. 利用线粒体 CO I 基因序列对中国尾蛱蝶属系统分化的研究[J]. 昆虫学报,2004,47(2):243-247.
- [16] YAGI T,SASAKI G,TAKEBE H. Phylogeny of Japanese Papilionid butterflies inferred from nucleotide sequences of the mitochondrial ND5 gene [J]. J Mol Evol,1999,48:42-48.
- [17] YAGI T,KATOH T,CHICHVARKHIN A,et al. Molecular phylogeny of butterflies *Parnassius glacialis* and *P. stubendorfi* at various localities in East Asia [J]. Genes & Genet Syst,2001,76:229-234.
- [18] OMOTO K,KATOH T,CHICHVARKHIN A,et al. Molecular systematics and evolution of the "Apollo" butterflies of the genus *Parnassius* (Lepidoptera: Papilionidae) based on mitochondrial DNA sequence data[J]. Gene,2004,326:141-147.
- [19] HÄUSER C L. Critical comments on the phylogenetic relationships within the family Papilionidae [J]. Nota Lepidopterol,1993,16:34-43.
- [20] CATERINO M S,CHO S,SPERLING F A H. The current state of insect molecular systematics: A thriving tower of babel [J]. Annu Rev Entomol,2000,45:1-54.
- [21] LOSHAI G,SMITH DAS,ALLEN J A,et al. Incomplete sexual isolation in sympatry between subspecies of the butterfly *Danaus chrysippus* (L.) and the creation of a hybrid zone[J]. Heredity,2003,90(3):236-246.
- [22] HSU R,BRISCOE AD,CHANG B S W,et al. Molecular evolution of a long wavelength-sensitive opsin in mimetic *Heliconius* butterflies (Lepidoptera: Nymphalidae) [J]. Biological Journal of the Linnean Society,2001,72:435-449.
- [23] REGIER J C,FANG Q Q,MITTER C,et al. Evolution and phylogenetic utility of the period gene in lepidoptera [J]. Mol Biol Evol,1998,15(9):1172-1182.
- [24] BELTRA'N M,JIGGINS C D,BULL V,et al. Phylogenetic discordance at the species boundary: comparative gene genealogies among rapidly radiating *Heliconius* butterflies [J]. Mol Biol Evol,2002,19(12):2176-2190.
- [25] BLUM M J,BERMINGHAM E,DASMAHAPATRA K. A molecular phylogeny of the neotropical butterfly genus *Anartia* (Lepidoptera: Nymphalidae) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution,2003,26:46-55.
- [26] MONTEIRO A,PIERCE N E. Phylogeny of *Bicyclus* (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from CO I, CO II, and EF-1a gene sequences [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution,2001,18(2):264-281.
- [27] WAHLBERG N,WEINGARTNER E,NYLIN S. Towards a better understanding of the higher systematics of Nymphalidae (Lepidoptera: Papilionoidea) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution,2003,28:473-484.
- [28] BROWER A V Z,DESALLE R. Patterns of mitochondrial versus nuclear DNA sequence divergence among nymphalid butterflies: the unity of wingless as a source of characters for phylogenetic inference [J]. Insect Molecular Biology,1998,7(1):73-82.
- [29] BROWER A V Z. Phylogenetic relationships among the Nymphalidae (Lepidoptera) inferred from partial sequences of the wingless gene [J]. Proc R Soc Lond B,2000,267:1201-1211.
- [30] CAMPBELL D L,BROWER A V,PIERCE N E. Molecular evolution of the Wingless gene and its implications for the phylogenetic placement of the butterfly family Riodinidae (Lepidoptera: Papilionoidea) [J]. Mol Bio Evol,2000,17(5):684-96.
- [31] 周尧. 中国蝶类志[M]. 修订本. 郑州:河南科学技术出版社,1999.
- [32] 魏忠民,武春生. 中国斑粉蝶属分类研究[J]. 昆虫学报,2005,48(1):107-118.

(责任编辑:韦廷宗)

日本学者用抑制性树突状细胞治愈小鼠败血症

巨噬细胞、树突状细胞等白细胞能识别侵入体内的致病微生物,并产生细胞因子以防止感染。但是患败血症后,微生物引发的感染扩散到全身,使全身各部位的白细胞过度活跃,引起剧烈的炎症反应。日本理化研究所的佐藤克明领导的研究小组研究发现,小鼠的脾脏中存在能产生白介素-10的树突状细胞,而白介素-10具有抑制免疫的功效。佐藤克明等研究人员使小鼠患上细菌性腹膜炎并最终诱发败血症,然后向每只患败血症的小鼠的腹腔或静脉内注射约100万个从小鼠脾脏中分离出的抑制性树突状细胞为它们治疗,结果小鼠败血症得到控制。这就说明从小鼠脾脏中分离出的树突状细胞能治愈小鼠的败血症,这将有助于治疗败血症等重度炎症疾病。

(据《科学时报》)