

桑小头木虱 FAR 基因家族鉴定及其功能预测分析

林雅婷¹, 郝阳洋², 韦红显², 耿涛², 王树昌^{2*}, 卢芙萍^{2*}

1. 海南大学, 海南海口 570228; 2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所/农业农村部热带作物病虫害综合治理重点实验室/海南省热带农业有害生物监测与控制重点实验室, 海南海口 571101

摘要: 桑小头木虱 (*Paurocephala sauteri* Enderlein) 是热带亚热带桑树重要害虫, 主要为害桑树顶芽和嫩叶, 导致叶片卷曲, 难以展开, 同时可分泌蜡质, 诱发煤烟病, 导致桑叶产量和质量显著下降; 为害小苗, 可致其全株死亡, 严重威胁热带蚕桑产业的多元化发展。脂酰辅酶 A 还原酶 (FAR) 存在于各种生物体内, 参与脂肪酸衍生物的生物合成, 进而参与繁殖、两性信息识别与交流、蜡质合成等多项生命活动过程。本研究共筛选到 23 个桑小头木虱 FAR 基因, 蛋白分析表明, 其中大多数为碱性蛋白, 具有亲水性; 亚细胞定位预测发现, 17 个 FAR 蛋白定位于细胞质, 1 个定位于线粒体, 1 个定位于细胞核, 4 个定位于质膜, 说明 *PsmFAR* 基因发挥功能的主要场所是细胞质。结合其他已知昆虫 FAR 基因的功能, 以及桑小头木虱若虫、雌成虫、雄成虫体内及不同部位 FAR 基因的表达分析发现, 桑小头木虱 FAR 基因可能参与发育、繁殖、蜡质合成、体表角质层合成、信息素合成及解毒等多个生物学功能, 除 7 个基因可能仅参与蜡质合成功能外, 其余 16 个基因可能参与多个生物学功能, 涉及繁殖的有 16 个 (69.56%), 涉及蜡质合成的亦有 16 个 (69.56%), 与其体表角质层合成相关的有 12 个 (52.17%), 与发育相关的有 9 个 (39.13%), 与解毒相关的有 5 个 (21.74%), 与信息素合成相关的有 4 个 (17.39%)。本研究在转录组测序分析的基础上对桑小头木虱 FAR 基因家族进行鉴定、序列组成及表达分析, 探究 FAR 基因在桑小头木虱生命活动中的功能, 为其高效防控技术和针对性药剂的研发和应用提供理论依据。后续功能的进一步验证将为以 FAR 基因为靶标的精准防控药剂的研发提供依据。

关键词: 桑小头木虱; FAR 基因家族; 亚细胞定位; 基因表达; 功能预测分析

中图分类号: S888.723

文献标志码: A

Identification and Functional Analysis of FAR Gene Family in *Paurocephala sauteri*

LIN Yating¹, HAO Yangyang², WEI Hongxian², GENG Tao², WANG Shuchang^{2*}, LU Fuping^{2*}

1. Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. Institute of Environment and Plant Protection, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences / Key Laboratory of Integrated Tropical Crop Pest Management, Ministry of Agriculture and Rural Affairs / Hainan Key Laboratory of Tropical Agricultural Pest Monitoring and Control, Haikou, Hainan 571101, China

Abstract: *Paurocephala sauteri* Enderlein is an important pest of tropical and subtropical mulberry, which seriously threatens the diversified development of tropical sericulture industry. Fatty acyl-CoA reductase (FAR) exists in various organisms and participates in the biosynthesis of fatty acid derivatives, and then participates in many life activities such as wax synthesis, reproduction, sexual information recognition and communication. A total of 23 FAR genes were screened in this study. Protein analysis showed that most of them were alkaline proteins with hydrophilicity. Subcellular localization prediction found that 17 FAR proteins were located in the cytoplasm, one FAR protein in the mitochondria, one FAR protein in the nucleus, and four FAR proteins in the plasma membrane, indicating that the main place for the *PsmFAR* gene to function was the cytoplasm. Combined with the function of other known insect FAR genes and the expression analysis of FAR genes in nymphs, female adults, male adults and different parts of *P. sauteri*, it was found

收稿日期 2025-01-14; 接受日期 2025-02-24

基金项目 现代农业产业技术体系项目 (No. CARS-18-SYZ17); 海南省重点研发计划项目 (No. ZDYF2022SHFZ319)。

作者简介 林雅婷 (1996—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 农业昆虫与害虫防治。*通信作者 (Corresponding author): 王树昌 (WANG Shuchang), E-mail: wangshuchang2001@163.com; 卢芙萍 (LU Fuping), E-mail: fuping_36@163.com。

that FAR genes could be involved in development, reproduction, wax synthesis, cuticle synthesis, pheromone synthesis and detoxification. In addition to seven genes only involved in wax synthesis, the remaining 16 genes may be involved in multiple biological functions, including 16 genes (69.56%) involved in reproduction, 16 genes (69.56%) involved in wax synthesis, 12 genes (52.17%) involved in cuticle synthesis, and nine genes (39.13%) involved in development. There were five genes (21.74%) related to detoxification and four genes (17.39%) related to pheromone synthesis. In this study, based on the transcriptome sequencing analysis, the identification, sequence composition and expression analysis of the FAR gene family were carried out to explore the function of the FAR gene in the life activities of the *P. sauteri*, and to provide a theoretical basis for its efficient prevention and control technology and the development and application of targeted insecticides. Further verification of subsequent functions would provide a basis for the development of precise prevention and control agents targeting the FAR gene.

Keywords: *Paurocephala sauteri* Enderlein; FAR gene family; subcellular localization; gene expression; functional prediction analysis

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2025.06.022

桑小头木虱 (*Paurocephala sauteri* Enderlein) 是热带亚热带桑树重要害虫^[1-7], 主要为害桑树顶芽和嫩叶, 导致叶片卷曲, 难以展开, 同时可分泌蜡质, 诱发煤烟病, 导致桑叶产量和质量显著下降; 为害小苗, 可致其全株死亡, 严重威胁热带蚕桑产业的多元化发展^[8]。

脂酰辅酶 A 还原酶 (fatty acyl-CoA reductase, FAR) 属于 NAD(P)H 依赖型氧化还原酶家族蛋白, 能将脂肪酸转化为脂肪醇^[9], 在自然界中普遍存在, 在绝大多数生物体中具有重要生物学功能^[10], 如, FAR 参与小眼虫 (*Euglena gracilis*) 的能量储备^[11], 参与植物体表角质层蜡等的合成^[12-14]; 在仓鸮 (*Tyto alba*)、家鸡 (*Gallus gallus domesticus*) 和家鹅 (*Anser anser*) 等鸟类体内参与蜡酯生物合成和其他途径, 如醚脂合成^[15]; 在哺乳动物体内, 参与醚脂和蜡酯的生物合成^[16-17]。近年来, 大量研究表明, FAR 在昆虫多种生命活动中发挥着重要作用, 如 FAR 可通过调节粉蚧所分泌蜡质的主要成分“表皮碳氢化合物”(CHC) 的产生来促进其蜡的生物合成, 从而有助于粉蚧适应失水和杀虫剂等的胁迫^[18]; FAR 可以将蜜蜂的脂肪酸转化为醇, 并生物合成产生高水平的中长链蜡单酯^[19]; FAR 参与多种昆虫, 如玉米夜蛾性信息素以及白蜡虫蜡质的生物合成^[20-21]; 褐飞虱体内的 FAR 基因家族有 17 个基因组成, 其中 10 个基因分别对褐飞虱的 CHC 的产生、角质层合成、繁殖有影响^[22]; B 型烟粉虱体内 FAR 基因家族有 21 个基因组成, 其中 *BtFAR11* 与烟粉虱表皮的蜡酯形成有关^[23]。FAR 在昆虫生殖, 尤其是半翅目昆虫的繁殖过程中具有重要的作用, 可干扰 FAR 基因的表达显著抑制半翅目昆虫雌虫的繁殖力, 主要表

现为寿命缩短、产卵量减少或孵化率降低等^[24-25]。

蜡质分泌是伴随桑小头木虱若虫和雌成虫全生命过程的重要生理现象, 为了了解蜡质合成相关重要酶 FAR 及其基因在桑小头木虱的生命活动中发挥的重要作用, 本研究基于转录组测序数据, 对桑小头木虱 FAR 基因家族进行鉴定、序列组成及组织表达分析, 探究 FAR 基因在桑小头木虱生命活动中的功能, 为桑小头木虱高效防控技术和针对性药剂的研发和应用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

桑小头木虱若虫和成虫采自海南省儋州市试验场七队 (109°29'47.072"E, 19°34'54.142"N) 桑园。

1.2 方法

1.2.1 桑小头木虱 FAR 基因家族的筛选与鉴定 根据桑小头木虱转录组序列对其 FAR 基因家族各基因的 CDS 序列进行克隆, 然后从 Uniport 数据库 (<https://www.uniprot.org/>) 下载 FAR 蛋白序列, 在桑小头木虱转录组蛋白库中进行本地 BLAST 搜索^[26]。再利用 Interpro 网站 (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>) 下载 FAR 的结构域信息^[27], 利用 TBtools 软件筛选出含有 FAR 结构域的蛋白序列^[28], 由此获得桑小头木虱转录组预测的 FAR。将筛选的候选基因上传到 NCBI 中的 CD-search (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/bwrpsb/bwrpsb.cgi>) 进行结构域预测, 并利用 TBtools 软件进行可视化分析, 将含有 2 个完整结构域的序列、含有 1 种结构域但在线 BLAST 注释为 FAR 的序列均保留作为最终的 FAR 基因。

1.2.2 桑小头木虱 FAR 基因家族的蛋白理化性质预测 利用 ExPASy 在线数据库 (<http://web.expasy.org/>) 对筛选的桑小头木虱 FAR 家族成员进行蛋白理化性质预测^[29]。并利用 SOPMA (https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_sopma.html) 进行蛋白质二级结构预测分析。利用 WoLF PSORT (<https://wolfsort.hgc.jp/>) 预测亚细胞定位^[30]。

1.2.3 桑小头木虱 FAR 基因家族的保守基序预测 利用 TBtools 软件进行桑小头木虱 FAR 基因家族保守基序分析, 保守基序的最大数量设置为 17, 其他参数默认^[31]。

1.2.4 桑小头木虱 FAR 基因家族的系统进化树构建 利用 TBtools 软件对桑小头木虱 FAR 家族蛋白序列进行系统进化树构建; 从 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中下载已报道其

他昆虫 (中黑盲蝽、褐飞虱、白蜡蚧、绵粉蚧、烟粉虱、夜蛾、螟蛾、巢蛾、家蚕、黑腹果蝇和蜜蜂) 的 FAR 蛋白序列, 利用 TBtools 软件进行系统进化树构建^[32-33], 结合已报道 FAR 基因功能进行桑小头木虱 FAR 基因功能预测分析^[33]。

1.2.5 桑小头木虱 FAR 基因家族表达分析 通过实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 对 FAR 基因家族在桑小头木虱若虫、雌成虫、雄成虫的表达量进行分析, 并选取雌雄成虫表达量显著的基因进行头胸部、腹部的表达量分析。根据候选基因的 CDS 序列, 通过生工生物工程 (上海) 股份有限公司在线软件设计引物 (表 1), 利用 RNAprep Pure 动物组织总 RNA 提取试剂盒提取桑小头木虱 RNA, 使用 FastKing cDNA 第 1 链合成试剂盒进行反转录, 合成 cDNA。以 GAPDH 为内参, 用 2×SYBR Green qPCR Premix 进行 RT-qPCR。

表 1 桑小头木虱 *PsmFAR* 及内参引物序列
Tab. 1 *PsmFAR* and internal reference primer sequences of *P. sauteri*

基因名称 Gene name	正向引物 (5'-3') Forward primer (5'-3')	反向引物 (5'-3') Reverse primer (5'-3')
<i>PsmFAR-1</i>	ACACCCTTTCCAGCTCCTATGAG	CATGAGGCCAGTATTGTTGTACC
<i>PsmFAR-2</i>	ATCAGTTGGAGGCGGTAAGG	CACGGTGCTGCCACTATTCCG
<i>PsmFAR-3</i>	TGTCCATGATGACCTCTTAACCAG	CAGGGAACAAAGCATAAGAGTTGC
<i>PsmFAR-4</i>	CCGCACTAATCCAATTCCTCCACTC	TTATCATGCCAACACTGGAAGATCC
<i>PsmFAR-5</i>	ATTGCAGGAGCGACTAGATTGTAC	CAGGTTCTGGACTGGGAATTGTAAG
<i>PsmFAR-6</i>	AGCTGTTGGGTTAGGTATAATGAGA	CCAATTTCCCAACCTACAGCAA
<i>PsmFAR-7</i>	ATTGCATTTGTTACACGATCTCCAG	CCAATGGCATTAAATTTAGCAGGTG
<i>PsmFAR-8</i>	TGGAGTGGATGGACGCAGATAC	TTGTGTAGGTGTAAGTTCGGATG
<i>PsmFAR-9</i>	CTGCAGGTGTAGGAATTGGGT	TCACCAGGTACCATATCAAGTTT
<i>PsmFAR-10</i>	CATCTACATCTCTACGGCATAACGC	AATGAGTGCTGGTGAAAGACATCC
<i>PsmFAR-11</i>	ACAAGCCAGTTCTTTACCTCAAGC	GCAACAGCAGAGCGAGTCATC
<i>PsmFAR-12</i>	CAAAGTTGCCGATTTAGTTCCAGTG	TCTGTCGTGTATCATCGCTGTTATTG
<i>PsmFAR-13</i>	TCGTTCACTCATCAACAGCATTCTG	AAGCATCAACACTCATCCAAGTACC
<i>PsmFAR-14</i>	TGTACGGTCCAGTCGGTATGATG	GTCTTCTCTTGC GTTACCCACTTG
<i>PsmFAR-15</i>	ACCCTGTGCCTCCTGTGATAAG	AAATGACTGCCAGAGTATCCGTAAC
<i>PsmFAR-16</i>	AGCTGCTGTTACTATTCTGTTGG	AGACCTTCTCAAGTGACTACATTAGC
<i>PsmFAR-17</i>	AGGAATCAGATTGCTACCCAGTTTG	CAGTTGGTCCATACAGGTTGTCTATC
<i>PsmFAR-18</i>	CAACTCGGATAAGACCTGCCATAATAC	ATGATGTTCCCGCCTGTATATTTCG
<i>PsmFAR-19</i>	AGTACTTGATGTGGCATGATATACTG	TGTTGTACGGCGATTACCAGTTG
<i>PsmFAR-20</i>	AGGAATCAGCAAAGAAGATCAGCAG	AGAGGGTGATACGTGAAGTACTAC
<i>PsmFAR-21</i>	GGTGATGAAGCCTACAGAACTGATAG	CTGCCATTTGTTTAGTGAGCGTATATG
<i>PsmFAR-22</i>	GACACACTAACCGAAA	GACTACCAAATCTACG
<i>PsmFAR-23</i>	TCGCCCATCAGTCATTGTTTCTAC	CAAGTCCTACCAACTGTCATACC
<i>GAPDH</i>	TGTTTGTTGTGGAGT	GAATGATGTTTGTGAGC

2 结果与分析

2.1 桑小头木虱 FAR 基因家族鉴定及蛋白理化性质预测

根据 Uniport 数据库下载的 FAR 蛋白序列以及 Interpro 网站下载 FAR 的结构域信息, 在桑小头木虱转录组中进行鉴定, 最终获得 23 个 FAR 基因。蛋白理化性质分析表明, 23 个桑小头木虱 FAR 家族蛋白的氨基酸序列长度最短的为 63 aa, 最长的为 575 aa, 分子量为 7317.43~66 180.04 Da, 理论等电点为 4.93~9.22, 大部分在 7.00 以上, 表明该家族成员大多为碱性蛋白。不稳定系数为 27.14~50.43, 其中 16 个 FAR 成员的不稳定系数小于 40, 预测为稳定蛋白, 不易降解, 7 个 FAR 成员的不稳定系数大于 40, 预测为不稳定蛋白。脂肪系数为 84.88~109.84, 平均亲水系数为 -0.502~0.086, 大部分小于 0, 表明该家族蛋白成员大多具有亲水性。亚细胞定位预测发现, 17 个

FAR 蛋白定位于细胞质, 1 个定位于线粒体, 1 个定位于细胞核, 4 个定位于质膜 (表 2)。

对所有 FAR 家族成员蛋白的二级结构预测表明, 其结构由 α -螺旋、延伸链和无规则卷曲组成, 并且以 α -螺旋和无规卷曲为主要构件 (表 3)。

2.2 桑小头木虱 FAR 基因家族的保守基序预测

保守基序预测结果表明, 桑小头木虱 FAR 基因家族成员共包含 17 个 motif, 其中 motif 2、motif 3、motif 5、motif 8 出现次数最多, 均为 21 次, motif 4 出现 20 次, motif 1 出现 18 次, motif 6 和 motif 13 出现 17 次, motif 7、motif 9 和 motif 10 出现 16 次, motif 11 和 motif 12 出现 15 次, motif 15 出现 5 次, motif 16 出现 4 次, motif 14 和 motif 17 出现 2 次, 次数最少。其中 motif 7、motif 9 属于 FAR C 结构域; 除 *PsmFAR-1*、*PsmFAR-2*、*PsmFAR-3* 以外的基因中, motif 2、motif 3、motif 4、motif 5、motif 8 属于 NADB Rossmann 结构域 (图 1)。

表 2 桑小头木虱 FAR 家族基本信息
Tab. 2 Basic information of FAR family in *P. sauteri*

基因名称 Gene name	氨基酸数量 Number of amino acids	分子量 Molecular weight/Da	理论等电点 Theoretical pI	不稳定系数 Instability index	脂肪系数 Aliphatic index	平均亲水系数 Grand average of hydropathicity	亚细胞定位 Sub-cellular localization
<i>PsmFAR-1</i>	125	14 069.22	8.46	27.14	84.88	-0.145	细胞质
<i>PsmFAR-2</i>	136	15 441.99	6.24	38.93	93.24	-0.229	细胞质
<i>PsmFAR-3</i>	63	7313.43	4.93	44.58	109.84	-0.171	细胞质
<i>PsmFAR-4</i>	320	37 094.96	7.72	50.43	100.78	-0.114	细胞质
<i>PsmFAR-5</i>	511	59 699.28	8.58	37.55	98.20	-0.055	质膜
<i>PsmFAR-6</i>	390	44 414.84	5.97	39.26	97.18	-0.296	细胞质
<i>PsmFAR-7</i>	389	45 485.01	5.99	47.96	95.71	-0.502	细胞质
<i>PsmFAR-8</i>	460	52 389.21	8.97	35.77	101.70	-0.085	细胞质
<i>PsmFAR-9</i>	292	33 809.20	8.75	39.61	98.12	-0.152	细胞质
<i>PsmFAR-10</i>	548	63 607.33	8.09	33.63	94.43	-0.146	细胞质
<i>PsmFAR-11</i>	531	60 625.64	9.17	37.34	96.93	-0.101	细胞质
<i>PsmFAR-12</i>	533	61 534.50	8.10	35.27	98.20	-0.086	线粒体
<i>PsmFAR-13</i>	528	60 403.13	9.22	37.27	96.70	-0.016	细胞质
<i>PsmFAR-14</i>	548	62 576.78	8.62	30.86	102.04	-0.039	质膜
<i>PsmFAR-15</i>	487	55 425.40	8.76	40.77	92.53	-0.170	细胞质
<i>PsmFAR-16</i>	507	58 469.31	8.83	38.77	98.24	-0.097	细胞质
<i>PsmFAR-17</i>	498	57 828.15	8.84	32.08	94.14	-0.186	细胞质
<i>PsmFAR-18</i>	507	58 439.00	8.94	40.82	99.84	-0.103	细胞质
<i>PsmFAR-19</i>	508	57 996.71	9.22	46.88	105.31	0.086	细胞质
<i>PsmFAR-20</i>	560	64 518.52	7.97	43.17	94.82	-0.088	细胞质
<i>PsmFAR-21</i>	508	58 050.82	9.19	30.09	98.23	-0.115	细胞核
<i>PsmFAR-22</i>	570	65 649.55	6.93	34.13	99.00	-0.062	质膜
<i>PsmFAR-23</i>	575	66 180.04	8.91	35.89	104.78	-0.026	质膜

表 3 桑小头木虱 FAR 家族二级结构预测
Tab. 3 Prediction of the secondary structure of FAR family in *P. sauteri*

基因名称 Gene name	α -螺旋 Alpha helix/%	延伸链 Extended strand/%	无规则卷曲 Random coil/%	基因名称 Gene name	α -螺旋 Alpha helix/%	延伸链 Extended strand/%	无规则卷曲 Random coil/%
<i>PsmFAR-1</i>	20.00	21.60	58.40	<i>PsmFAR-13</i>	48.67	14.02	37.31
<i>PsmFAR-2</i>	58.82	15.44	25.74	<i>PsmFAR-14</i>	47.45	13.32	39.23
<i>PsmFAR-3</i>	34.92	15.87	49.21	<i>PsmFAR15</i>	42.51	15.40	42.09
<i>PsmFAR-4</i>	42.19	16.88	40.94	<i>PsmFAR-16</i>	46.75	14.60	38.66
<i>PsmFAR-5</i>	48.53	14.29	37.18	<i>PsmFAR-17</i>	46.99	14.26	38.76
<i>PsmFAR-6</i>	48.21	15.38	36.41	<i>PsmFAR-18</i>	46.94	14.60	38.46
<i>PsmFAR-7</i>	44.99	13.37	41.65	<i>PsmFAR-19</i>	49.21	14.76	36.02
<i>PsmFAR-8</i>	44.13	15.65	40.22	<i>PsmFAR-20</i>	45.18	13.04	41.79
<i>PsmFAR-9</i>	40.41	17.81	41.78	<i>PsmFAR-21</i>	45.08	14.57	40.35
<i>PsmFAR-10</i>	46.17	13.14	40.69	<i>PsmFAR-22</i>	44.91	12.81	42.28
<i>PsmFAR-11</i>	47.83	13.94	38.23	<i>PsmFAR-23</i>	48.87	13.57	37.57
<i>PsmFAR-12</i>	47.65	13.51	38.84				

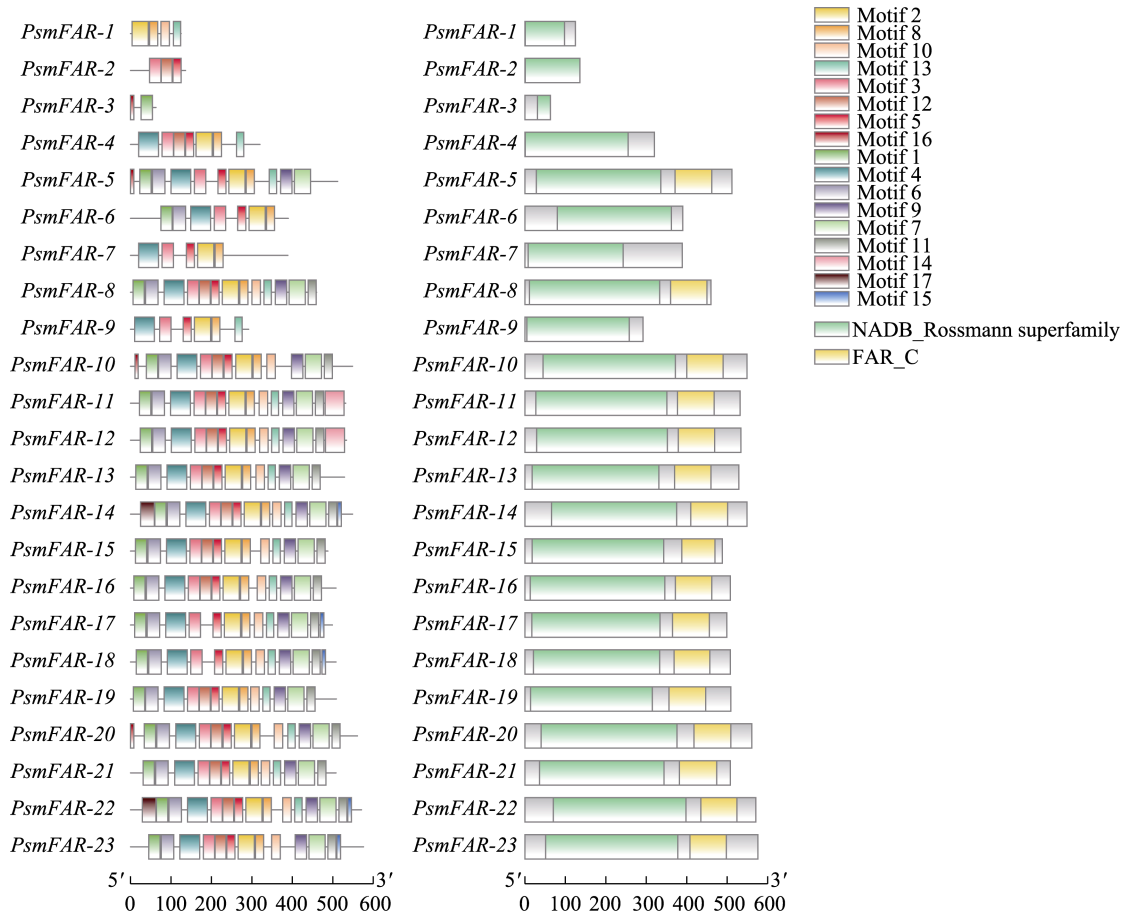


图 1 桑小头木虱 FAR 家族的保守基序预测
Fig. 1 Prediction of conserved motifs of FAR family in *P. sauteri*

2.3 桑小头木虱 FAR 基因家族功能预测分析

通过构建桑小头木虱与已报道昆虫（中黑盲蝽、褐飞虱、白蜡蚧、绵粉蚧、烟粉虱、夜蛾、螟蛾、巢蛾、家蚕、黑腹果蝇和蜜蜂）FAR 蛋白

序列系统进化树并对其基因功能进行预测分析，结果表明，在所划分的 9 个亚族中，23 个桑小头木虱 FAR 基因家族成员被划分至 6 个亚族，分别为亚族 II（*PsmFAR-11* 和 *PsmFAR-12*）、亚族 IV

(*PsmFAR-19* 和 *PsmFAR-21*)、亚族 V(*PsmFAR-1*、*PsmFAR-2*、*PsmFAR-8* 和 *PsmFAR-13*)、亚族 VII(*PsmFAR-4*、*PsmFAR-5*、*PsmFAR-6*、*PsmFAR-7* 和 *PsmFAR-9*)、亚族 VIII(*PsmFAR-10*、*PsmFAR-14*、*PsmFAR-20*、*PsmFAR-22* 和 *PsmFAR-23*)、亚族 IX(*PsmFAR-3*、*PsmFAR-15*、*PsmFAR-16*、*PsmFAR-17* 和 *PsmFAR-18*) (图 2)。其中亚族 II 中已报道的 *AmFAR* 基因主要与蜡质合成相关；亚族 IV 中的 *NIFAR4* 基因主要与繁殖和体表角质层合成相关；亚族 V 中已报道的 5 个基因 *NIFAR3*、*CsFAR*、*EpFAR*、*NIFAR10* 和 *MvFAR* 在发育、繁殖、蜡质合成、信息素合成中发挥重要作用；亚族 VII 中仅包含桑小头木虱的 5 个 FAR 基因，自成一族，根据相邻 2 个亚族中的已知基因功能，分析这些基因可能参与繁殖、蜡质合成、体表角质层合成；亚族 VIII 中的 *PsFAR1* 基因主要在蜡质的生物合成中发挥着重要作用，亚族 IX 中的 5 个基因(*PsFAR3*、*DmFAR*、*NIFAR6*、*NIFAR7* 和 *NIFAR9*) 主要与发育、繁殖、体表角质层合成和解毒相关。

根据预测，桑小头木虱体内 FAR 基因家族中，除 7 个基因可能仅参与蜡质合成功能外，其余 16 个基因可能参与多个生物学功能，涉及繁殖的有 16 个 (69.56%)，涉及蜡质合成的亦有 16 个 (69.56%)，与其体表角质层合成相关的有 12 个 (52.17%)，与发育相关的有 9 个 (39.13%)，与解毒相关的有 5 个 (21.74%)，与信息素合成相关的有 4 个 (17.39%) (表 4)。

2.4 桑小头木虱 FAR 基因在不同虫态中的表达分析

对桑小头木虱五龄若虫、雌成虫、雄成虫 FAR 基因家族的表达特性进行分析表明，若虫体内有 15 个 FAR 基因(*PsmFAR-1*、*PsmFAR-2*、*PsmFAR-3*、*PsmFAR-4*、*PsmFAR-5*、*PsmFAR-6*、*PsmFAR-8*、*PsmFAR-10*、*PsmFAR-11*、*PsmFAR-13*、*PsmFAR-14*、*PsmFAR-19*、*PsmFAR-20*、*PsmFAR-21*、*PsmFAR-22*) 的表达量均显著高于雌成虫、雄成虫 (图 3)，其中有 13 个基因(*PsmFAR-1*、*PsmFAR-2*、*PsmFAR-4*、*PsmFAR-5*、*PsmFAR-6*、*PsmFAR-8*、*PsmFAR-10*、

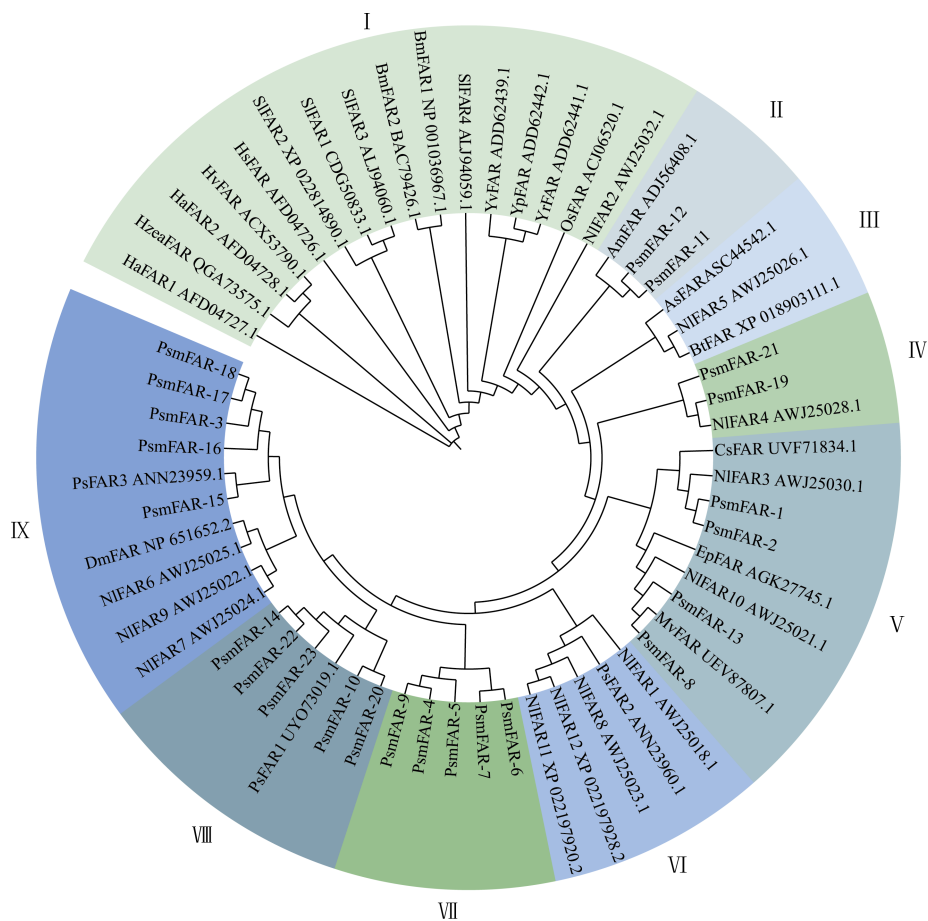


图 2 桑小头木虱与其他生物 FAR 家族的系统发育树
Fig. 2 Phylogenetic tree of FAR family of *P. sauteri* and other organisms

表 4 桑小头木虱 FAR 基因家族功能预测分析
Tab. 4 Functional prediction analysis of FAR gene family in *P. sauteri*

编号* No.	基因 Gene	功能预测 Function prediction	相关物种 Related species	相关基因 Related gene	GenBank 登录号 GenBank accession
II	<i>PsmFAR-11, PsmFAR-12</i>	蜡质合成	<i>Apis mellifera</i>	<i>AmFAR</i>	ADJ56408.1
IV	<i>PsmFAR-19, PsmFAR-21</i>	繁殖、体表角质层合成	<i>Nilaparvata lugens</i>	<i>NIFAR4</i>	AWJ25028.1
V	<i>PsmFAR-1, PsmFAR-2, PsmFAR-8, PsmFAR-13</i>	发育、繁殖、蜡质合成、 信息素合成	<i>Chilo suppressalis</i>	<i>CsFAR</i>	UVF71834.1
			<i>Nilaparvata lugens</i>	<i>NIFAR3</i>	AWJ25030.1
			<i>Nilaparvata lugens</i>	<i>NIFAR10</i>	AWJ25021.1
			<i>Ericerus pela</i>	<i>EpFAR</i>	AGK27745.1
			<i>Maruca vitrata</i>	<i>MvFAR</i>	UEV87807.1
VII	<i>PsmFAR-4, PsmFAR-5, PsmFAR-6, PsmFAR-7, PsmFAR-9</i>	繁殖、蜡质合成、体表 角质层合成	<i>Nilaparvata lugens</i>	<i>NIFAR1</i>	AWJ25018.1
				<i>NIFAR8</i>	AWJ25023.1
				<i>NIFAR11</i>	XP_022197920.2
				<i>NIFAR12</i>	XP_022197928.2
			<i>Phenacoccus solenopsis</i>	<i>PsFAR2</i>	ANN23960.1
VIII	<i>PsmFAR-10, PsmFAR-14, PsmFAR-20, PsmFAR-22, PsmFAR-23</i>	蜡质合成	<i>Phenacoccus solenopsis</i>	<i>PsFAR1</i>	UYO73019.1
IX	<i>PsmFAR-3, PsmFAR-15, PsmFAR-16, PsmFAR-17, PsmFAR-18</i>	发育、繁殖、体表角质 层合成、解毒	<i>Phenacoccus solenopsis</i>	<i>PsFAR3</i>	ANN23959.1
			<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>DmFAR</i>	NP_651652.2
			<i>Nilaparvata lugens</i>	<i>NIFAR6</i>	AWJ25025.1
				<i>NIFAR7</i>	AWJ25024.1
				<i>NIFAR9</i>	AWJ25022.1

注：*为系统发育树中的亚族编号。
Note: * indicates No. of subfamilies in the phylogenetic tree.

PsmFAR-11、*PsmFAR-13*、*PsmFAR-14*、*PsmFAR-19*、*PsmFAR-20*、*PsmFAR-22*) 在系统进化树中指征可能与蜡质合成相关; 1 个基因 (*PsmFAR-3*) 指征可能与发育、繁殖、体表角质层合成、解毒相关; 1 个基因 (*PsmFAR-21*) 指征可能与繁殖、体表角质层合成相关 (表 4)。

雌成虫体内有 3 个基因 (*PsmFAR-9*、*PsmFAR-16* 和 *PsmFAR-17*) 的表达量显著高于雄成虫和若虫, 其中 *PsmFAR-16*、*PsmFAR-17* 在若虫、雄成虫中的表达量无显著差异 (图 3), 这 3 个基因均可能涉及繁殖和体表角质层合成功能, 同时 *PsmFAR-9* 还可能在蜡质合成中发挥作用, *PsmFAR-16* 和 *PsmFAR-17* 亦可能参与发育和解毒功能 (表 4)。

雄成虫体内有 2 个基因 (*PsmFAR-12* 和 *PsmFAR-18*) 的表达量均高于雌成虫和若虫, 其中 *PsmFAR-12* 的表达量显著高于雌成虫和若虫 (图 3), 在系统发育树中, 该基因可能主要参与蜡质合成, *PsmFAR-18* 与雌成虫的表达量无显著差异, 但显著高于若虫, 在系统发育树中, 该基因可能主要表征发育、繁殖、体表角质层合成、

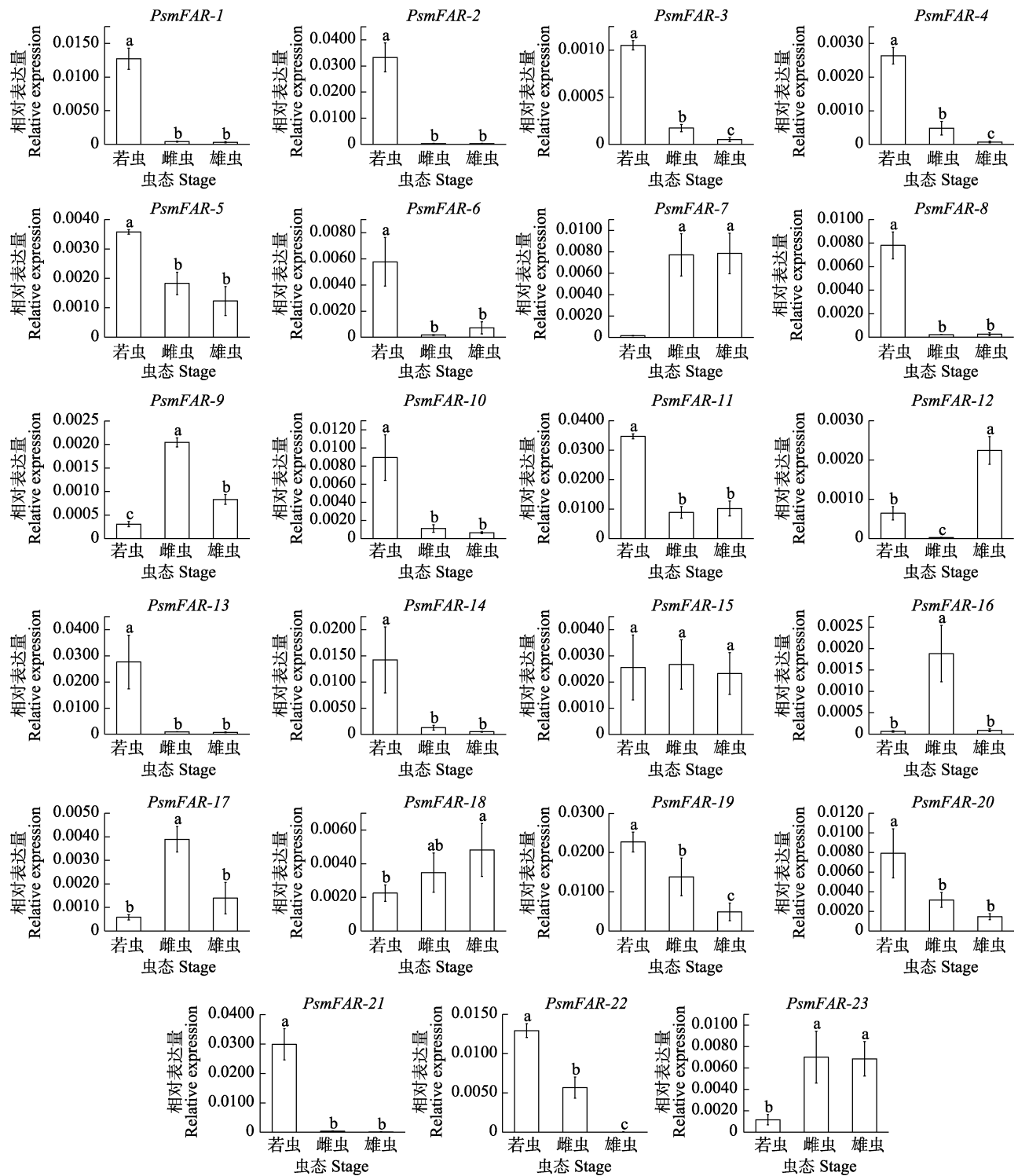
解毒 (表 4)。

雌成虫和雄成虫体内有 2 个基因 (*PsmFAR-7* 和 *PsmFAR-23*) 的表达量显著高于若虫, 且在雌成虫和雄成虫间无显著差异 (图 3), *PsmFAR-23* 基因在系统发育树中归属亚族Ⅷ, 可能与蜡质合成相关, *PsmFAR-7* 则可能涉及繁殖、蜡质合成及体表角质层合成 (表 4)。

PsmFAR-15 在若虫和成虫体内的表达无显著差异, 全生育期稳定表达 (图 3), 在系统发育树中, 该基因可能主要涉及发育、繁殖、体表角质层合成及解毒等功能 (表 4)。

2.5 桑小头木虱 FAR 基因在不同部位中的表达分析

由 2.4 的桑小头木虱不同虫态体内 FAR 基因的表达分析中发现, 9 个 FAR 基因 (*PsmFAR-3*、*PsmFAR-4*、*PsmFAR-14*、*PsmFAR-16*、*PsmFAR-17*、*PsmFAR-19*、*PsmFAR-20*、*PsmFAR-21* 和 *PsmFAR-22*) 在雌成虫和雄成虫体内的表达量差异较大, 相差 2 倍以上, 7 个 FAR 基因 (*PsmFAR-7*、*PsmFAR-9*、*PsmFAR-12*、*PsmFAR-16*、*PsmFAR-17*、*PsmFAR-18* 和 *PsmFAR-23*) 在成虫体内的表达量



不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

Different lowercase letters indicate significant difference ($P < 0.05$).

图 3 PsmFARs 在不同虫态中的表达量

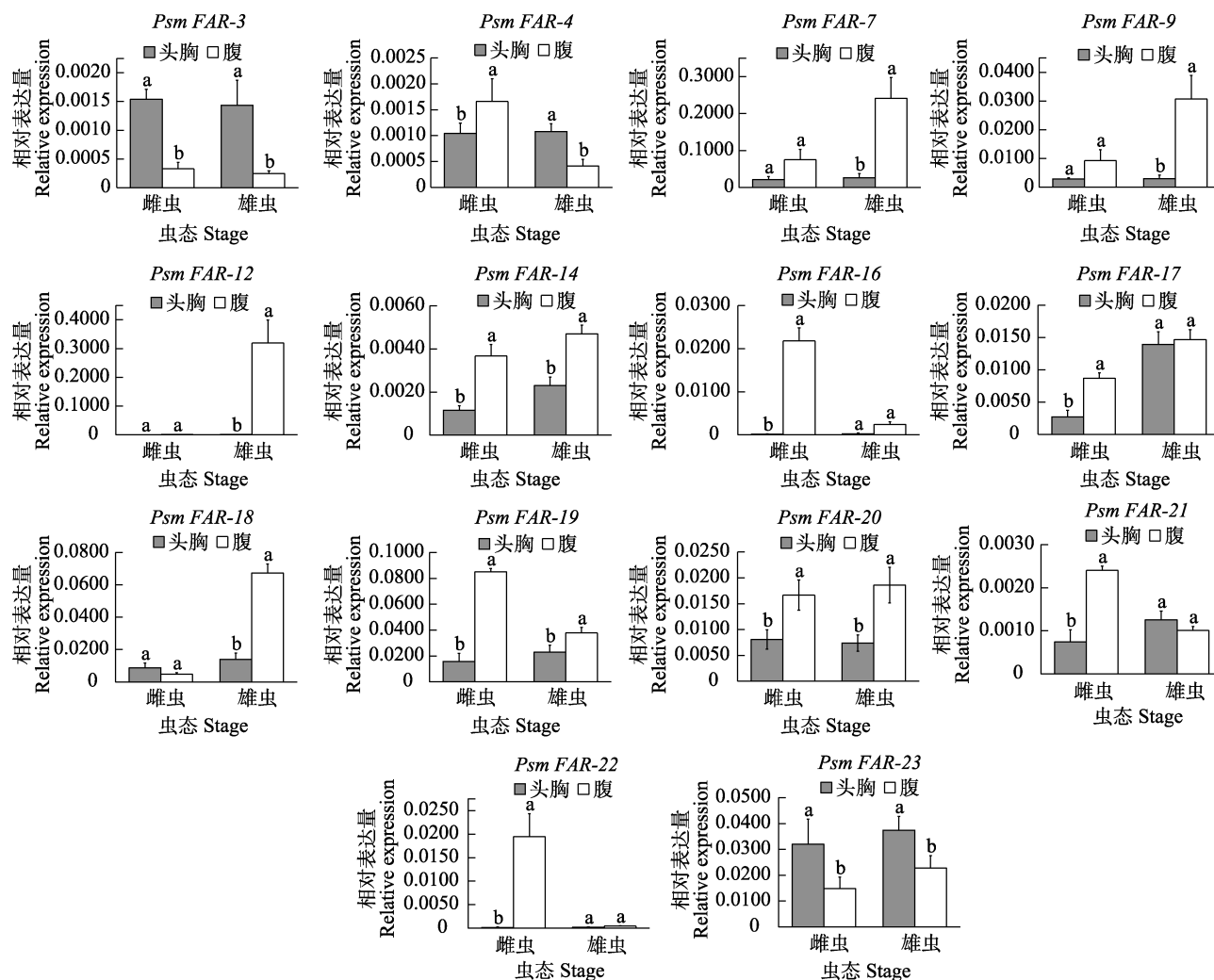
Fig. 3 Expression of PsmFARs in different stages

显著高于若虫,因此对这 14 个基因在成虫体内不同部位的表达差异作进一步分析。结果表明,在分析的 14 个 FAR 基因中,在雌成虫、雄成虫头胸部仅 2 个基因 (*PsmFAR-3* 和 *PsmFAR-23*) 的表

达量显著高于腹部;在雄成虫头胸部有 2 个基因 (*PsmFAR-4* 和 *PsmFAR-21*) 的表达量高于腹部,而这 2 个基因在雌成虫中则腹部显著高于头胸部 (图 4)。

在雌成虫、雄成虫腹部有 3 个基因 (*PsmFAR-14*、*PsmFAR-19*、*PsmFAR-20*) 的表达量显著高于头胸部; 在雌成虫腹部有 5 个基因 (*PsmFAR-4*、*PsmFAR-16*、*PsmFAR-17*、*PsmFAR-21*、

PsmFAR-22) 的表达量显著高于头胸部, 在雄成虫腹部有 4 个基因 (*PsmFAR-7*、*PsmFAR-9*、*PsmFAR-12*、*PsmFAR-18*) 的表达量显著高于头胸部 (图 4)。



不同小写字母表示同一虫态不同部位间差异显著 ($P < 0.05$)。

Different lowercase letters indicate significant difference between different parts of the same insect stage ($P < 0.05$).

图 4 差异基因在成虫不同部位的表达量

Fig. 4 Expression of differential genes in different parts of adults

3 讨论

FAR 基因家族编码 CHC 合成酶, CHC 和重要的脂肪酸合成途径共享基因, 影响昆虫的发育、繁殖、蜡质合成、体表角质层合成、信息素合成及解毒等功能^[22-24, 34]。基因家族成员的差异使物种产生不同的差异和生态适应性^[35]。本研究基于桑小头木虱的转录组数据, 结合已知的多种昆虫 FAR 基因家族中各基因的功能, 对桑小头木虱 FAR 基因家族进行鉴定, 并对不同基因的功能进行分析预测, 结果在桑小头木虱体内共获得 23 个

FAR 候选基因, 与褐飞虱的数量相似^[24]。蛋白特性分析表明, 其大多为碱性蛋白, 这与烟粉虱^[23]、白蜡虫^[26]的理化性质较为相似。亚细胞定位预测显示桑小头木虱的 FAR 基因大多定位在细胞质, 与白蜡虫 FAR 基因家族的预测结果^[36]相同, 说明 *PsmFAR* 基因发挥功能的主要场所是细胞质。

结合其他已知昆虫的 FAR 基因功能, 以及桑小头木虱若虫、雌成虫、雄成虫体内 23 个 FAR 基因的表达分析发现, 桑小头木虱的 23 个 FAR 基因可能参与发育、繁殖、蜡质合成、体表角质

层合成、信息素合成及解毒等多个生物学功能, 其中 16 个基因 (69.56%) 可能涉及繁殖和蜡质合成功能, 说明 FAR 基因家族可能在桑小头木虱的繁殖及重要生理活动中发挥着重要作用, 研究也初步证实干扰桑小头木虱 *PsmFAR-22* 基因后, 蜡质合成及繁殖受到显著影响 (待发表), 后续功能的进一步验证将为以 FAR 基因为靶标的精准防控药剂的研发提供依据。

若虫体内有 15 个 FAR 基因的表达量显著高于雌成虫和雄成虫, 其中有 13 个基因在系统进化树中指征可能与蜡质合成相关, 而桑小头木虱若虫期全程分泌蜡质, 作为一项重要生理功能, 蜡质分泌可能作为桑小头木虱针对性防控药剂研发的重要靶标。白蜡虫的 FAR 基因家族有 22 个基因, 其中有 5 个基因与泌蜡功能相关^[37]。*PsmFAR-15* 在若虫和成虫体内的表达无显著差异, 全生育期稳定表达, 且表达量较高, 在系统发育树中, *PsmFAR-15* 与 *PsFAR3*、*DmFAR*、*NIFAR6*、*NIFAR7*、*NIFAR9* 分为同一亚族, 可能有相似的功能, 如 *PsFAR3* 影响昆虫发育和对农药的解毒^[38], *DmFAR* 影响胚胎发育^[39], *NIFAR6* 影响繁殖, *NIFAR7* 影响 CHC 生物合成以及角质层合成, *NIFAR9* 影响角质层合成以及繁殖^[22], 因此推测 *PsmFAR-15* 可能与桑小头木虱的发育、繁殖、角质层合成、CHC 生物合成及对农药的解毒等相关。*PsmFAR-12* 和 *PsmFAR-18* 在雄成虫体内的表达量均高于雌成虫和若虫, 其中 *PsmFAR-12* 的表达量显著高于雌成虫和若虫, 在系统发育树中, 该基因与 *AmFAR* 的同源关系较近^[19], 而 *AmFAR* 影响蜡质合成, 推测 *PsmFAR-12* 可能主要参与蜡质合成; 雄成虫体内 *PsmFAR-18* 的表达量与雌成虫无显著差异, 但显著高于若虫, 推测该基因可能与雄成虫特有的蜜露合成相关。*PsmFAR-12* 是否参与雄成虫特有的蜜露合成及其他生理功能还有待验证, 目前已研究昆虫 FAR 基因的功能尚不完全, 需进一步通过基因敲除研究去证实。

头胸部、腹部 FAR 基因的表达分析发现, 在分析的 14 个 FAR 基因中, 在雌雄成虫头胸部仅 *PsmFAR-3* 和 *PsmFAR-23* 的表达量显著高于腹部, 这与检测的白蜡虫^[40]FAR 基因表达量结果较为相似。桑小头木虱腹部含有精巢、卵巢结构, 对这些差异显著的 FAR 基因进行研究, 分析这些基因在桑小头木虱繁殖过程中的功能, 为针对降低其

繁殖力方面进行防控技术的研发奠定基础。*PsmFAR-4* 和 *PsmFAR-21* 基因存在雌雄成虫不同部位表达不一致的现象, 在雌成虫腹部的表达量显著高于头胸部, 而在雄成虫头胸部却高于腹部, 说明这 2 个基因可能在雌虫体内具有调节繁殖等功能, 而在雄成虫体内则可能存在协调信息素的合成及释放功能, 后续将进一步验证该功能, 为 FAR 基因在桑小头木虱繁殖、信息素合成与释放功能的深入研究和阻断方式的研究提供依据。

参考文献

- [1] 卢芙蓉, 耿涛, 武华周, 王娜玉, 汪永松, 姜德钊, 王树昌. 桑小头木虱 *Paurocephala sauteri* Enderlein 生物学特性研究[J]. 热带作物学报, 2020, 41(9): 1883-1888.
LU F P, GENG T, WU H Z, WANG N Y, WANG Y S, LOU D Z, WANG S C. Biological characteristics of *Paurocephala sauteri* Enderlein (Hemiptera: Psylloidea: Psyllidae)[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2020, 41(9): 1883-1888. (in Chinese)
- [2] 李法圣. 中国木虱志[M]. 北京: 科学出版社, 1976: 226-227.
LI F S. Psyllidomorpha of China[M]. Beijing: Science Press, 1976: 226-227. (in Chinese)
- [3] 杨集昆, 李法圣. 小头木虱属五新种及母生滑头木虱新属种(同翅目: 木虱科: 小头木虱亚科)[J]. 武夷科学, 1986, 6: 45-58.
YANG J K, LI F S. Five new species of *Paurocephalinae* and a new species of *Homalocephala* (Homoptera: Psyllidae: *Paurocephalinae*)[J]. Wuyi Science Journal, 1986, 6: 45-58. (in Chinese)
- [4] CRAWFORD D L. The psyllidae of borneo[J]. The Philippine Journal of Science, 1920, 17(4): 353-359.
- [5] LIAO Y, YANG M. First record of the mulberry psyllid *Anomoneura mori* Schwarz (Hemiptera: Psylloidea: Psyllidae) from Taiwan[J]. Journal of Asia-Pacific Entomology, 2018, 21(2): 603-608.
- [6] MIFSUD D, BURCKHARD D. Taxonomy and phylogeny of the old world jumping plant-louse genus *Paurocephala* (Insecta, Hemiptera, Psylloidea)[J]. Journal of Natural History, 2002, 36(16): 1887-1986.
- [7] KUWAYAMA S. A revision of the Psyllidae of Taiwan[J]. Insecta Matsumurana, 1931, 5(3): 117-133.
- [8] 卢芙蓉, 王树昌. 海南桑树害虫识别及其防治图谱[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2019.
LU F P, WANG S C. Identification and control map of mulberry pests in Hainan[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2019. (in Chinese)
- [9] 郑天祥, 钱雨农, 张大羽. 昆虫脂肪酸合成通路关键基因

- 的研究进展[J]. 中国生物工程杂志, 2017, 37(11): 19-27.
- ZHENG T X, QIAN Y N, ZHANG D Y. Key genes involved in fatty acids biosynthesis in insects[J]. China Biotechnology, 2017, 37(11): 19-27. (in Chinese)
- [10] 敖艳. 扶桑绵粉蚧蜡质成分及合成相关基因 *far* 的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2019.
- AO Y. Studies on the wax compositions and its biosynthesis related gene *far* in cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae)[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2019. (in Chinese)
- [11] TEERAWANICHPAN P, QIU X. Fatty acyl-CoA reductase and wax synthase from *Euglena gracilis* in the biosynthesis of medium-chain wax esters[J]. Lipids, 2010, 45(3): 263-273.
- [12] DEANDRÉS-GIL C, MORENO-PÉREZ A J, VILLOSLADA-VALBUENA M, HALSEY K, MARTÍNEZ-FORCE E, GARCÉS R, KURUP S, BEAUDOIN F, SALAS J J, VENEGAS-CALERÓN M. Characterisation of fatty acyl reductases of sunflower (*Helianthus annuus* L.) seed[J]. Plant Science, 2024, 341: 111992.
- [13] DOAN T T, CARLSSON A S, HAMBERG M, BÜLOW L, STYMNE S, OLSSON P. Functional expression of five *Arabidopsis* fatty acyl-CoA reductase genes in *Escherichia coli*[J]. Plant Physiology, 2009, 166(8): 787-796.
- [14] METZ J G, POLLARD M R, ANDERSON L, HAYES T R, LASSNER M W. Purification of a jojoba embryo fatty acyl-coenzyme A reductase and expression of its cDNA in high erucic acid rapeseed[J]. Plant Physiology, 2000, 122(3): 635-644.
- [15] HELLENBRAND J, BIESTER E M, GRUBER J, HAMBERG M, FRENTZEN M. Fatty acyl-CoA reductases of birds[J]. BMC Biochemistry, 2011, 12: 64.
- [16] CHENG J B, RUSSELL D W. Mammalian wax biosynthesis. I. Identification of two fatty acyl-coenzyme A reductases with different substrate specificities and tissue distributions[J]. Biological Chemistry, 2004, 279(36): 37789-37797.
- [17] HONSHO M, ASAKU S, FUJIKI Y. Posttranslational regulation of fatty acyl-CoA reductase 1, Far1, controls ether glycerophospholipid synthesis[J]. Biological Chemistry, 2010, 285(12): 8537-8542.
- [18] TONG H, WANG Y, WANG S, OMAR M A A, LI Z, LI Z, DING S, AO Y, WANG Y, LI F, JIANG M. Fatty acyl-CoA reductase influences wax biosynthesis in the cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley[J]. Communications Biology, 2022, 5(1): 1108.
- [19] TEERAWANICHPAN P, ROBERTSON A J, QIU X. A fatty acyl-CoA reductase highly expressed in the head of honey bee (*Apis mellifera*) involves biosynthesis of a wide range of aliphatic fatty alcohols[J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2010, 40(9): 641-649.
- [20] DOU X, ZHANG A, JURENKA R. Functional identification of fatty acyl reductases in female pheromone gland and tarsi of the corn earworm, *Helicoverpa zea*[J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2020, 116: 103260.
- [21] YANG P, ZHU J Y, GONG Z J, XU D L, CHEN X M, LIU W W, LIN X D, LI Y F. Transcriptome analysis of the Chinese white wax scale *Ericerus pela* with focus on genes involved in wax biosynthesis[J]. PLoS One, 2012, 7(4): e35719.
- [22] LI D T, DAI Y T, CHEN X, WANG X Q, LI Z D, MOUSSIAN B, ZHANG C X. Ten fatty acyl-CoA reductase family genes were essential for the survival of the destructive rice pest, *Nilaparvata lugens*[J]. Pest Management Science, 2020, 76(7): 2304-2315.
- [23] 李想. 烟粉虱脂酰辅酶 A 还原酶基因家族鉴定分析及功能研究[D]. 新乡: 河南科技学院, 2023.
- LI X. Identification and functional analysis of FAR gene family in *Bemisia taba*[D]. Xinxiang: Henan Institute of Science and Technology, 2023. (in Chinese)
- [24] LUO J, LIANG S J, LI J Y, XU Z P, LI L, ZHU B Q, LI Z, LEI C L, LINDSEY K, CHEN L Z, JIN S X, ZHANG X L. A transgenic strategy for controlling plant bugs (*Adelphocoris suturalis*) through expression of double-stranded RNA homologous to fatty acyl-coenzyme A reductase in cotton[J]. New Phytologist, 2017, 215(3): 1173-1185.
- [25] FAN X, ZHANG W. Genome-wide identification of FAR gene family and functional analysis of NIFAR10 during embryogenesis in the brown planthopper *Nilaparvata lugens*[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022, 223(Pt A): 798-811.
- [26] 柳伟, 安佳琪, 高熹, 杨璞. 白蜡虫脂酰辅酶 A 还原酶基因家族鉴定及序列分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2022, 37(5): 743-752.
- LIU W, AN J Q, GAO X, YANG P. Identification and sequence analyses of fatty acyl-CoA reductase gene family of the Chinese white wax scale insect (*Ericerus pela*)[J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2022, 37(5): 743-752. (in Chinese)
- [27] 王瑜桑, 夏快飞, 张明永, 黄煥超, 严寒静, 张宏意, 何梦玲. 基于转录组测序的广藿香 MYC 基因家族鉴定与分析[J/OL]. 分子植物种, 1-10. (2024-01-25)[2025-02-08]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240124.1734.006.html>.
- WANG Y S, XIA K F, ZHANG M Y, HUANG H C, YAN H J, ZHANG H Y, HE M L. Identification and analysis of MYC gene family based on transcriptome data in *Pogostemon cablin*[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 1-10. (2024-01-25)[2025-02-08]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.>

- 20240124.1734.006.html. (in Chinese)
- [28] CHEN C, CHEN H, ZHANG Y, THOMAS H R, FRANK M H, HE Y, XIA R. TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data[J]. *Molecular Plant*, 2020, 13(8): 1194-1202.
- [29] CHAO J T, KONG Y Z, WANG Q, SUN Y H, GONG D P, LV J, LIU G S. MapGene2Chrom, a tool to draw gene physical map based on Perl and SVG languages[J]. *Hereditas*, 2015, 37(1): 91-97.
- [30] 张国莉, 周倩怡, 余小奎, 赵胤泽, 张祥林, 田洁. 基于转录组的大蒜水通道蛋白基因家族的鉴定与分析[J]. *分子植物育种*, 2024, 22(24): 8034-8047.
- ZHANG G L, ZHOU Q Y, YU X K, ZHAO Y Z, ZHANG X L, TIAN J. Transcriptome-based identification and analysis of the garlic aquaporins gene family[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2024, 22(24): 8034-8047. (in Chinese)
- [31] 向春繁, 高青青, 袁成晓, 张笑云, 梁艳丽, 赵艳. 灯盏花 NAC 转录因子家族的鉴定及生物信息学分析[J/OL]. *分子植物育种*, 1-17. (2024-07-18)[2025-02-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240704.1132.002.html>.
- XIANG C F, GAO Q Q, YUAN C X, ZHANG X Y, LIANG Y L, ZHAO Y. Identification and bioinformatics analysis of the NAC transcription factor family in *Erigeron breviscapus* [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, 1-17. (2024-07-18)[2025-02-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240704.1132.002.html>. (in Chinese)
- [32] 沈红建, 邓锦清, 廖柏勇, 张碧佩, 李永泉, 王溢. 高州油茶 NAC 转录因子家族鉴定及生物信息学分析[J]. *湖南农业科学*, 2024(7): 7-14.
- SHEN H J, DENG J Q, LIAO B Y, ZHANG B P, LI Y Q, WANG Y. Identification and bioinformatics analysis of NAC transcription factor family in *Camellia drupifera* Loureiro[J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2024(7): 7-14. (in Chinese)
- [33] 臧文蕊, 马明, 砗根, 哈斯阿古拉. 甜瓜 BZR 转录因子家族基因的全基因组鉴定及表达模式分析[J]. *生物技术通报*, 2024, 40(7): 163-171.
- ZANG W R, MA M, CHE G, HASI A G L. Genome-wide identification and expression pattern analysis of BZR transcription factor gene family of melon[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2024, 40(7): 163-171. (in Chinese)
- [34] 梁思佳. 利用植物介导的 RNAi 技术创造棉花抗盲蝽新种质[D]. 武汉: 华中农业大学, 2021.
- LIANG S J. Plant-mediated RNAi to create a new cotton germplasm resistant to plant bugs[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2021. (in Chinese)
- [35] 金高晨, 李冉. 水稻与褐飞虱的分子互作研究进展[J/OL]. *生命科学*, 1-24. (2024-12-12)[2025-01-02]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1600.Q.20241211.1755.002.html>.
- JIN G C, LI R. Recent advances in rice and brown planthopper molecular interaction[J/OL]. *Chinese Bulletin of Life Sciences*, 1-24. (2024-12-12)[2025-01-02]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1600.Q.20241211.1755.002.html>. (in Chinese)
- [36] 胡艳红. 白蜡虫脂酰辅酶 A 还原酶基因(*EpFAR*)的克隆表达与功能研究[D]. 南京: 南京林业大学, 2018.
- HU Y H. Cloning, expression characterization and functional assay of a fatty acyl-CoA reductase gene in scale insect, *Ericerus pela* Chavannes (Hemiptera: Coccoidea)[D]. Nanjing: Nanjing Forestry University, 2018. (in Chinese)
- [37] 柳伟. 基于基因组分析的白蜡虫与两种内生真菌研究及白蜡虫 FAR 基因家族鉴定[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2022.
- LIU W. Study on the Chinese white wax scale insect and two endogenous fungi based on genome analysis and identification of FAR gene family of the Chinese white wax scale insect[D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry, 2022. (in Chinese)
- [38] LI X L, ZHENG T X, ZHENG X W, HAN N, CHEN X X, ZHANG D Y. Molecular characterization of two fatty acyl-CoA reductase genes from *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae)[J]. *Journal of Insect Science*, 2016, 16(1): 49.
- [39] JASPERS M H, PFLANZ R, RIEDEL D, KAWELKE S, FEUSSNER I, SCHUH R. The fatty acyl-CoA reductase waterproof mediates airway clearance in *Drosophila*[J]. *Developmental Biology*, 2014, 385(1): 23-31.
- [40] 胡艳红, 杨璞, 陈晓鸣, 徐冬丽. 白蜡虫脂酰辅酶 A 还原酶多克隆抗体的制备[J]. *林业科学研究*, 2014, 27(1): 82-85.
- HU Y H, YANG P, CHEN X M, XU D L. Preparation of polyclonal antibody against *Ericerus pela* FAR1 peptide[J]. *Forest Research*, 2014, 27(1): 82-85. (in Chinese)