棉铃虫ATP合酶亚基α对Cry2Ab毒理的影响

姚雪'马洌扬2张博'常彦鹏'李瑞敬'王明月'赵文丽'魏纪珍'*

(1.河南农业大学植物保护学院,郑州 450002; 2.河南省农业科技发展中心,郑州 450000)

摘要:为探究棉铃虫 Helicoverpa armigera ATP 合酶亚基α(ATP synthase subunit a, ATPs-a)对 Cry2Ab毒理的影响,采用实时荧光定量PCR技术检测了ATPs-a基因在棉铃虫幼虫不同发育阶段、 不同组织及受Cry2Ab诱导后的表达量,并通过在昆虫细胞中过表达和干扰ATPs-a基因验证其在 Cry2Ab毒理中的功能。结果显示:ATPs-a基因在棉铃虫各发育阶段和组织中普遍表达,其中在幼 虫的1龄和2龄期,以及5龄的中肠、头部和表皮中表达较高。棉铃虫取食Cry2Ab6h后,ATPs-a基 因表达量开始显著降低,一直持续到36h;在Sf9细胞系中成功表达ATPs-a蛋白后,显著增强了 Cry2Ab的细胞毒力;在美洲棉铃虫H. zea的中肠细胞中干扰ATPs-a基因后,显著降低了Cry2Ab的 细胞毒力。表明棉铃虫ATPs-a参与Cry2Ab的毒理过程。

关键词:棉铃虫;ATP合酶亚基α;Cry2Ab;细胞毒力

The effects of ATP synthase subunit α on the toxicity of Cry2Ab to cotton bollworm *Helicoverpa armigera*

Yao Xue¹ Ma Lieyang² Zhang Bo¹ Chang Yanpeng¹ Li Ruijing¹ Wang Mingyue¹ Zhao Wenli¹ Wei Jizhen^{1*}

(1. College of Plant Protection, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, Henan Province, China; 2. Henan Development Center of Agricultural Science and Technology, Zhengzhou 450000, Henan Province, China)

Abstract: To explore the role of ATP synthase subunit α (ATPs- α) of cotton bollworm *Helicoverpa armigera* in the toxicity of Cry2Ab, the expression levels of ATPs- α in different developmental stages and different tissues of larvae were analyzed by real-time quantitative PCR. Its expression level was determined in larvae fed with Cry2Ab. The functions of *ATPs*- α in the toxicity of Cry2Ab were analyzed by overexpression and knockdown of *ATPs*- α in Sf9 cells and in midgut cells, respectively. The results showed that *ATPs*- α expressed in all growth stages and tissues, though highter expression was detected in the first- and second-instar larvae, and in the midgut, head and epidermis of the fifth-instar larvae. The expression level of *ATPs*- α in Sf9 cells increased Cry2Ab cytotoxicity. Knockdown of *ATPs*- α by RNAi in MG cells decreased the toxicity of Cry2Ab. These results suggested that *H. armigera* ATPs- α might be involved in the toxicity of Cry2Ab.

Key words: *Helicoverpa amigera*; ATP synthase subunit α ; Cry2Ab protein; cytotoxicity

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: weijizhen1986@163.com 收稿日期: 2021-07-15

基金项目:国家自然科学基金(31802016),河南省农业领域科技攻关项目(212102110137),河南农业大学自然科学类青年创新基金 (KJCX2018A14),河南省现代农业产业技术体系(S2014-11-G06),国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-27)

苏云金芽胞杆菌(Bacillus thuringiensis, Bt)是一 种革兰氏阳性菌,它能够产生具有杀虫活性伴孢晶 体(Li et al., 1991; Raymond et al., 2010; El-Menofy et al., 2014), 通过转基因技术将Bt蛋白转入作物中 可以对害虫起到很好的防治效果(Wu et al., 2008)。 自1996年美国开始种植转基因作物,经过20多年的 发展,转基因Bt作物得到了广泛开发和商业化种 植,为农业害虫的防治做出了巨大贡献(ISAAA, 2021)。但昆虫抗性的快速进化严重威胁Bt作物的 长期应用,目前转多价基因策略是害虫抗性治理的 有效方法(Rubio-Infante et al., 2018)。 2003年, 孟 山都公司将Cry1Ac和Cry2Ab两种蛋白转入棉花 中,该双价棉花已经在很多国家商业化种植(Ferré et al., 2008)。Cry2Ab作为Bt棉花中的一种重要 杀虫蛋白,目前对其分子特性及机制的研究尚不 完善。

近些年来,通过毒蛋白与受体结合试验、功能验证,以及抗性遗传方式的研究也发现了一些Cry2Ab功能受体,例如ABC转运蛋白(ABC sub-family C member 1,ABCC1)(Chen et al.,2018)和氨肽酶N5 (aminopeptidase N5,APN5)(Pan et al.,2017)。最重要的是,通过抗性突变遗传连锁以及基因编辑等证实ABC转运蛋白ABCA2是Cry2Ab重要的靶标受体(Tay et al.,2015; Wang et al.,2017; Yang et al.,2019)。但是目前的研究还不足以揭示Cry2Ab的作用模型。Cry2Ab如何与受体互作导致昆虫死亡,仍需要进一步研究。

研究表明,与ATP合成、水解和利用相关的蛋 白参与Bt蛋白对昆虫的毒理过程。棉铃虫*Helicoverpa armigera*幼虫取食Cry1Ac后,ATP酶的转录会 降低(钟丰等,2016)。Bayyareddy et al.(2009)蛋白 质组学研究表明埃及伊蚊*Aedes aegypti*的ATP合酶 (ATP synthase,ATPs)可以与Cry4Ba毒素结合,烟蚜 夜蛾*Heliothis virescens*的ATPs以及棉铃虫ATP酶 可与Cry1Ac结合(Krishnamoorthy et al.,2007;Chen et al.,2010)。而甜菜夜蛾*Spodoptera exigua*的 ATPs亚基A和B不但可与Cry2Aa结合,而且参与 Cry2Ab的杀虫毒理过程(Qiu et al.,2017)。此外, ATPs的改变可能参与了昆虫对Bt的抗性(Candas et al.,2003;Tetreau et al.,2012)。

ATPs 是一种在细胞质膜、线粒体内膜和叶绿体 类囊体膜中发现的 ATP 合成酶,主要生理功能是合成 ATP。ATPs 亚基 α (ATP synthase subunit α , ATPs- α)属于 F型 ATPs(F-ATPs), 3 个拷贝的 ATPs- α 和

3个拷贝的 ATPs- β 形成了 F1 复合体的催化中心, α亚基和β亚基经过一系列的构象变化,使用质子梯 度来驱动促使 ADP转化成 ATP(Leyva et al., 2003)。 Schnaufer et al. (2005)研究表明, ATPs 的活性与线 粒体以及细胞功能呈线性相关,在生命体中发挥着 重要作用,从细菌到哺乳动物,ATPs调控ATP合成 的工作机制非常保守。此外,在一些寄生虫中, ATPs也发挥着重要功能。例如在刚地弓形虫 Toxoplasma gondii中, ATPs 在线粒体中是形成能量合成 复合体的重要蛋白,参与机体能量的合成(Huet et al., 2018); 在布氏锥虫 Trypanosoma brucei中, ATPs 影响其生长发育速率和 ATP 的水解和合成(Schnaufer et al., 2005; Brown et al., 2006; Ziková et al., 2009)。在农业昆虫中,研究发现干扰东亚飞蝗Locusta migratoria manilensis的 ATPs-α,东亚飞蝗会在 1.5~5 d内死亡,相应的ATP的合成和水解活性及 ATP的含量也大幅减少(Hu & Xia, 2016)。

本研究拟克隆1个棉铃虫的ATPs-a基因,采用 实时荧光定量PCR技术分析该基因在棉铃虫幼虫 中表达模式,并比较了棉铃虫幼虫取食Cry2Ab后该 基因的表达量变化;通过在昆虫细胞中过表达和干 扰该基因验证了其对Cry2Ab毒理的影响,以期为 明确ATPs-a在Cry2Ab杀虫机理中的作用提供重 要线索。

1 材料与方法

1.1 材料

供试昆虫:棉铃虫购于河南济源白云实业,在实验室内使用人工饲料饲养,饲养条件为温度(26±1)℃、相对湿度为(60±10)%、光周期为16L:8D。

细胞系及细胞培养基:草地贪夜蛾 S. frugiperda 卵母细胞系(Sf9)和美洲棉铃虫 H. zea 中肠(midgut, MG)细胞系均为亚利桑那大学李显春教授馈 赠,保存于(28±1)℃的培养箱中(Wei et al., 2016)。 Ex-cell[®] 420培养基,西格玛奥德里奇(上海)贸易有 限公司; Sf-900[™] II SFM培养基,含10%热激失活牛 血清,50 U/mL青霉素和50 µg/mL链霉素,赛默飞世 尔科技(中国)有限公司。LB液体培养基成分为2 g NaCl、1 g酵母提取物、2 g蛋白胨、200 mL蒸馏水; 在LB液体培养基的基础上加3 g琼脂粉配制LB固 体培养基。

试剂与仪器:Cry2Ab原毒素和活化Cry2Ab,北 京绽诺思特生物科技有限公司;RNA提取试剂盒、 反转录试剂盒HiScript[®] III RT SuperMix for qPCR

(+gDNA wiper)、双链试剂盒 T7 RNAi Transcription Kit、质粒DNA小量提取试剂盒,南京诺维赞生物科 技股份有限公司;大肠杆菌 Escherichia coli 感受态 细胞DH5α,北京擎科生物科技有限公司;氨苄青霉 素、台盼蓝染色液、20×PBS缓冲液、高效 RIPA 裂解 液(含一支PMSF)、5×蛋白上样缓冲液,北京索莱宝 科技有限公司;限制性内切酶SacI和BglII酶,宝日 医生物技术(北京)有限公司;蛋白电泳凝胶制备试 剂盒,陕西中晖赫彩生物医药科技有限公司:转染试 剂,普洛麦格(北京)生物技术有限公司;鼠抗His-Tag单克隆抗体、辣根过氧化酶标记的羊抗鼠IgG抗 体,亚科因(武汉)生物技术有限公司;His标签的 pIEx-GFP载体,山东大学赵小凡老师馈赠;增强绿 色荧光蛋白 EGFP, 其序列参考 Wei et al. (2021) 方法 设计合成并由本实验室保存;其他化学试剂均为国 产分析纯。NANODROP 1000 全波长微量扫描分光 光度计,赛默飞世尔科技(中国)有限公司;Tanon 4600化学发光成像分析系统,上海天能科技有限公 司;DYY-3C电泳仪,北京六一仪器厂;SHP-250生化 培养箱,上海精宏实验设备有限公司;A1R HD25 激 光扫描共聚焦显微镜,尼康仪器(上海)有限公司;荧 光定量PCR仪,美国ABI公司。

1.2 方法

1.2.1 样品制备和cDNA合成

选取龄期一致的棉铃虫,收集1~5龄幼虫各取 5~10头,比较其不同发育时期*ATPs-a*基因的表达 量。取5龄棉铃虫幼虫解剖头、中肠、表皮、脂肪各 组织,比较不同组织*ATPs-a*基因的表达量。选取龄 期一致4龄末期棉铃虫(头壳裂开,3~4h内会完成 蜕皮,进入下一龄期),放入24孔养虫盒中饥饿12h, 然后饲喂含有100 µg/mL Cry2Ab的饲料(Wei et al., 2021),对照为含有50 mmol/L Na₂CO₃缓冲液的饲 料,分别在取食3、6、12、24和36h解剖中肠组织,每 个样品解剖4~5头,3个生物学重复,比较取食 Cry2Ab不同时间*ATPs-a*基因的表达量。

利用 RNA 提取试剂盒分别提取各个处理样品的总 RNA,参照反转录试剂盒 HiScript[®] III RT SuperMix for qPCR(+gDNA wiper)说明书合成 cDNA 模板备用。

1.2.2 载体构建

以棉铃虫 cDNA 为模板,利用特异性引物 ATPs-F/R(表1)对 $ATPs-\alpha$ 基因编码区 (sequence coding for aminoacids in protein, CDS) (登录号: XM_ 021337525.1)进行扩增,本试验中所有引物均由北 京擎科生物科技有限公司合成,50 µL PCR 反应体 系: Phanta Max Super-Fidelity DNA Polymerase 聚合 酶1 µL、cDNA 模板1 µL、dNTPs1 µL、上下游引物各 2 µL、2×Phanta Max Buffer 缓冲液 25 µL 和 ddH2O 18 µL。PCR 扩增条件:95℃预变性3 min;95℃变性 15 s,55℃退火20 s,72℃延伸1 min 50 s,38个循环; 72℃再延伸10 min。采用1% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR产物进行检测,对PCR产物纯化并连接到克隆 载体。采用热激法转入大肠杆菌感受态细胞DH5a 中,通过氨苄青霉素进行抗性筛选,获得的阳性重组子 进行菌液PCR验证。PCR扩增条件:95℃预变性3 min; 95℃变性15 s,55℃退火20 s,72℃延伸1 min 50 s, 38个循环;72℃再延伸10 min。采用1% 琼脂糖凝 胶电泳对PCR产物进行检测,将筛选获得的阳性克 隆菌液在5mL含有氨苄青霉素的LB液体培养基中 于 37℃、200 r/min 过夜培养,之后提取质粒并送北 京擎科生物科技有限公司测序。利用限制性内切酶 Sac I和 Bgl II 酶切测序正确的质粒,酶切产物切胶 回收纯化后插入含His标签的pIEx-GFP载体,连接产 物转入大肠杆菌感受态细胞DH5a中,筛选阳性克隆 提取ATPs-a-pIEx-GFP质粒DNA并送北京擎科生物 科技有限公司测序,进一步确定基因连接正确。

1.2.3 荧光定量RT-PCR反应

用特异性引物 ATPs-qF/qR(表1)对不同龄期幼 虫、不同组织和处理后组织的 *ATPs-a*基因表达量检 测,以*EF-1a*(U20129.1)和*β-actin*(HM629442.1)为 内参基因设计内参引物*β-actin*-F/R和EF-1*a*-F/R(表 1)。20 μL PCR 反应体系包括 2×ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix 预混物 10 μL、正反向引物 各 0.4 μL、模板 cDNA 1 μL、双蒸水 8.2 μL。反应程 序:95℃预变性 2 min;95℃变性 15 s,56℃退火 15 s, 68℃退火 20 s,38个循环。每个样品设 3 个生物学 重复,每个重复设计 3 个技术重复,用循环数的平 均数和扩增效率计算所有基因的表达水平,采用 2^{-△Δα}方法分析试验结果(Liu et al.,2015)。

1.2.4 ATPs-α基因序列比对

登陆 NCBI 使用 BLAST (http://www.ncbi.nlm. nih.gov/blast)检索昆虫的*ATPs-a*核苷酸序列。利用 BioEdit 软件从美洲棉铃虫 *ATPs-a* 基因组序列 (NFMG01023594.1)中剪接出 cDNA基因全长,利用 DNAClub 对棉铃虫与美洲棉铃虫的 *ATPs-a* 序列比 对进行分析。

表1 本研究所用的引物信息

Table 1 List of primers in this study

		扩增长度 扩增效率		
引物名称	序列	Size of	Amplifica-	作用
Primer name	Sequence $(5 \rightarrow 3')$	amplicon/	tion effi-	Application
		bp	ciency/%	
ATPs-qF	CATCATCTACTGTGGTGTCC	189	97	荧光定量
ATPs-qR	GCCAAGAAGTCTGATACGAT			PCR
β -actin-F	CCTGGTATTGCTGACCGTATGC	144	100	RT-PCR
β -actin-R	CTGTTGGAAGGTGGAGAGGGAA			
EF-1α-F	GCCTGGTACCATTGTCGTCT	154	98	
EF-1 <i>a</i> -R	GTAACCACGACGCAACTCCT			
ATPs-F	<u>GAGCTC</u> ATGTCTCTCATCTCCGCCCGT	1 677	/	载体构建
ATPs-R	AGATCT GCGCGAGGCAGCCTGGGT			Vector
ATPs-T7-F	GCGTAATACGACTCACTATAGGGGATCGTGAAGAGGTTGACTG	484	/	双链RNA
ATPs-T7-R	GCGTAATACGACTCACTATAGGGAGATCCTACACGGGATACAG			合成
EGFP-T7-F	GATCACTAATACGACTCACTATAGGGAGACCTGAAGTTCATCTGCACCAC	538		dsRNA syn-
EGFP-T7-R	GATCACTAATACGACTCACTATAGGGAGACTCCAGCAGGACCATGTGATC	,		tnesis

下划线的序列为酶切位点。The underlined sequences are the restriction sites.

1.2.5 dsRNA的合成

首先合成含有T7聚合酶位点的*ATPs-a* dsRNA 和对照组增强绿色荧光蛋白*EGFP* dsRNA的特异 性引物 ATPs-T7-F/R 和EGFP-T7-F/R(表1)。以构 建好的*ATPs-a-*pIEx-GFP 质粒和增强绿色荧光蛋白 EGFP 质粒为模板,使用含有T7聚合酶位点的基因 特异性引物进行 PCR,扩增合双链的模板*ATPs-a* (484 bp)和*EGFP*(538 bp),扩增体系同1.2.1,扩增 程序:95℃预变性5 min,95℃变性30 s,58℃退火 30 s,72℃延伸30 s,38个循环。并对PCR产物进行 酚氯仿抽提后电泳检测,以确保扩增出单一的目的 条带后进行后续试验。根据双链试剂盒T7 RNAi Transcription Kit 说明书合成*ATPs-a*和*EGFP*的 dsRNA,溶解于DEPC水中,并用分光光度计分别测 定相应浓度。

1.2.6 细胞转染和毒理测定

Sf9 细胞系和 MG 细胞系分别使用 Sf-900[™] II SFM 培养基和 Ex-cell[®] 420 培养基进行培养。将 Sf9 和 MG 细胞平铺在 12 孔板上,浓度均为 9×10⁵个/孔, 过夜培养使细胞充分贴壁。用不含血清和抗生素的 细胞培养基清洗细胞 1~2 次后,每孔加入 800 µL 不 含血清和抗生素的细胞培养基备用,分别将 8 µL转 染试剂、2 µg 质粒或 50 nmol/L 的 dsRNA 用不含血 清和抗生素的细胞培养基补足体系至 100 µL,混合 均匀后,将混合液滴加到细胞中,在(28±1)℃培养箱 培养孵育 5 h,更换细胞培养基,每孔加入 1.5 mL 含抗 生素和血清的细胞培养基。培养24h后在激光共聚 焦下观察转入 pIEx-GFP 和 ATPs-α-pIEx-GFP 细胞 并拍照。转染64h后收集细胞并使用细胞计数板计 数,使用96孔细胞板每孔接种100 µL(含1×10⁴个细 胞),置于28℃生化培养箱中贴壁生长2h;在倒置显 微镜200倍视野下,每孔选择2个视野,记录Cry2Ab 毒素处理前的存活细胞数量。使用移液枪从一侧轻 轻抽出每孔中细胞培养基,加入100 µL含有已活化 的30 µg/mL Cry2Ab毒素且不含血清和抗生素的细 胞培养基,置于28℃培养箱中处理5h;从一侧轻轻 抽出30 µL细胞培养基后加入7 µL台盼蓝染液进行 染色,在倒置显微镜200倍视野下统计每孔2个视野 中的未被染成蓝色细胞的个数,记录Cry2Ab毒素处 理后的存活细胞数量。收集剩余细胞用于后续 RNA提取和蛋白的检测。每次独立重复转染3次, 每次毒理测定重复3次。死亡率采用Abbott公式, 死亡率=(处理前的细胞数目-处理后的细胞数目)/处 理前的细胞数目×100%(Abbott, 1925)。

1.2.7 ATPs-α蛋白的提取和Western-blot鉴定

将转染后的细胞收集到离心管中,1000 r/min 离心10 min,弃上清液,加入1 mL 1×PBS缓冲液清 洗细胞,重复2次,离心弃上清,加入高效 RIPA 裂解 液100 μL、终浓度为1 mmol/L PMSF 1 μL、5×蛋白上 样缓冲液 25 μL并混匀,煮沸5 min,-20℃保存备用。

根据蛋白电泳凝胶制备试剂盒说明书配制SDS-Page胶,并进行凝胶电泳检测目的蛋白的表达。将

2 结果与分析

(*P*<0.05,图1-B)。

2.1 ATPs-α基因的时空表达谱

目的蛋白转到硝酸纤维素膜上;用5%脱脂奶粉室 温封闭1h;加入1:2000稀释的His标签小鼠单克 隆抗体(一抗),室温孵育1h;1×PBS缓冲液洗5次, 加入1:10000稀释的辣根过氧化物酶标记的羊抗鼠 IgG抗体(二抗),室温孵育1h;1×PBS缓冲液洗5次, 在化学发光成像分析系统仪器中拍照。

1.3 数据分析

试验数据使用 Excel 2019 和 DPS 7.05 软件进行 统计分析,不同处理间的比较采用单因素方差分析,



图1 在棉铃虫不同发育历期(A)及幼虫不同组织(B)中ATPs-α的表达量

Fig. 1 The expression level of *ATPs-α* in different developmental stages (A) and tissues (B) of *Helicoverpa amigera* 图中数据为平均数±标准差。不同字母表示经Tukey法检验在*P*<0.05水平差异显著。Data are mean±SD. Different letters indicate significant difference at *P*<0.05 level by Tukey test.

2.2 取食Cry2Ab 后降低 ATPs-α 的表达量

棉铃虫5龄幼虫取食含有亚致死剂量的 Cry2Ab毒素后,中肠组织*ATPs-a*表达量显著降低 (图2)。具体在取食Cry2Ab3h后,中肠组织*ATPs-a*表达量开始下降,在6h后下降到显著水平(P< 0.05),显著下降的趋势一致保持到36h(P<0.05)。



图 2 棉铃虫5龄幼虫取食Cry2Ab毒素后ATPs-a的表达量 Fig. 2 The expression level of ATPs-a of the 5th-instar Helicoverpa amigera larvae fed with Cry2Ab toxin

图中数据为平均数±标准差。*和***分别表示不同处理 经t检验法检验在P<0.05 和P<0.001 水平差异显著。Data in the figure are mean±SD. * and *** on the bar indicate significant difference at P<0.05 and P<0.001 levels by t test.

2.3 表达ATPs-α蛋白增强了Cry2Ab的细胞毒力

采用t检验法或Tukey法进行差异显著性检验。

荧光定量 PCR 检测结果表明, $ATPs-\alpha$ 基因在1、

2、3、4和5龄各龄期均有表达,其中1龄时表达量最

高(P<0.05,图1-A);在头、中肠组织、脂肪体、表皮

中也均有表达,其中在头、中肠和表皮中表达量最高

将 *ATPs*-α-pIEx-GFP 和 pIEx-GFP 质粒分别转 染 Sf9 细胞。荧光显微镜下观察到绿色荧光,说明 相应蛋白已成功表达于细胞中,主要在细胞中亚细 胞器膜(图 3-A~B)。并通过 Western blot 确定了 ATPs-α蛋白在细胞内的表达(图 3-C)。过表达后, 用 30 μg/mL活化的 Cry2Ab 处理细胞, Sf9 细胞的死 亡率与对照组相比提高了 26.8%(*P*<0.05,图 3-D)。 结果表明,过表达 ATPs-α可以增加细胞对 Cry2Ab 的敏感性。

2.4 降低 ATPs-α 表达减弱 Cry2Ab 细胞毒理

将棉铃虫*ATPs-α*基因的核苷酸序列与美洲棉 铃虫的核苷酸进行序列比对,分析发现两者间的同 源性极高,相似性达98.69%(图4)。因此,本研究选 取棉铃虫*ATPs-α*基因片段合成 dsRNA(图 5-A),并 在美洲棉铃虫中肠细胞系中干扰*ATPs-a*基因进行 了功能验证。通过荧光定量 PCR 检测细胞分别转 染*ATPs-α* dsRNA、*EGFP* dsRNA 和 DEPC 水 后 *ATPs-α*基因的转录变化,结果表明转染后中肠细胞 *ATPs-α*表达量降低了 40.58%(*P*<0.05,图 5-B),说明 *ATPs-α*基因被成功干扰。





图中数据为平均数±标准差。不同字母表示经Tukey法检验在*P*<0.05水平差异显著。Data are mean±SD. Different letters indicate significant difference at *P*<0.05 level by Tukey test.

用 30 μg/mL 活化的 Cry2Ab 处理 ATPs-α 被成功 干涉的中肠细胞,结果表明, *ATPs-α* dsRNA 组与 *EGFP* dsRNA 和 DEPC 水对照组相比,细胞的死亡 率分别降低了 32.41% 和 21.98% (*P*<0.05,图 5-C)。 以上结果表明,干扰 *ATPs-α* 表达可以使中肠细胞对 Cry2Ab 的耐受性增强。

3 讨论

ATPs-α是重要的 ATP 合成酶的亚基之一,它在 各组织和各发育阶段普遍表达,对昆虫的生长发育 有着重要意义(Ziková et al.,2009;Hu & Xia,2016; Huet et al.,2018)。比较其表达变化,发现其在1龄 中表达量最高,这可能与卵刚孵化成幼虫,活动量增 加,机体各种运动需能增加有关。取食 Cry2Ab 后, 虫体 *ATPs-α*的表达量显著降低。这与钟丰等 (2016)报道的 V-ATP 酶在棉铃虫取食 Cry1Ac 后转 录水平降低的结果一致。分析其原因,一方面可能 与适合度代价有关,昆虫在取食 Cry2Ab 后表现出一 定的拒食现象,由于取食量减少,导致能量合成减 少;此外也可能是由于 Cry2Ab 中毒后,活动能力减 弱,昆虫可能通过降低能量生成来谋取生存。另一 方面,也可能是昆虫对 Cry2Ab 的一种抵御调节,这 类 似于 Chauhan et al. (2021)报道的 蓖麻夜 蛾 Achaea janata 取食亚致死剂量的 Cry 蛋白后, 受体 APN2的表达量降低。本研究在细胞水平上的功能 验证,结果表明升高或降低 ATPs-α表达, 能够分别 增强或降低 Cry2Ab 的毒力, 因此推测 ATPs-α可能 是 Cry2Ab 的一个靶标受体, 昆虫通过降低受体表达 来减弱 Bt 蛋白带来的伤害。总之, 本研究首次揭示 了 ATPs-α影响 Cry2Ab 的毒力, 其是否是 Cry2Ab 中 发挥受体还有待进一步验证。

ATPs- α 主要分布在细胞质膜和线粒体内膜上 (胡旭初等,2009;Xu et al.,2015),本研究也表明棉 铃虫 ATPs- α 主要是在昆虫细胞内的细胞器膜上表 达。很多研究表明 ATPs 可与 Bt 蛋白结合(Krishnamoorthy et al.,2007;Bayyareddy et al.,2009),已 报道 Bt 受体主要也集中在昆虫中肠细胞膜上。根 据本研究数据及文献报道推测在细胞内细胞器膜上 的 ATPs 与 Cry2Ab 蛋白互作的方式可能有 2 种,一 种是 ATPs- α 与进入细胞内的 Cry2Ab 蛋白互作,整 个活化的 Cry 蛋白或者它们的主要蛋白结构域都可 以透过细胞膜进入细胞(Tomimoto et al.,2006;Nair & Dean,2008),进入细胞内的 Bt 蛋白可以与 ATPs- α 结合,进而扰乱 ATPs- α 的正常活性,干扰能量的合 成,导致昆虫死亡;另一种是 ATPs- α 与插入膜上的 Bt 蛋白结构互作,Gazit et al.(1998)报道 Cry 蛋白环 状结构中,α4和α5可以与膜内表的小叶互作,而活 化后的Cry2A类蛋白仍具有α4结构域(Ohsawa et al.,2012),这些插入膜上的结构可以与锚定在内膜 上的或细胞质内的ATPs-α结合,除了影响能量合 成,甚至导致细胞膜的穿孔,最终导致昆虫中毒死 亡。这些推测未来可以首先通过验证 ATPs-α与 Cry2Ab的结合特性来逐步验证。

H.a H.z	ATGTCTCTCATCTCCGCCCGTATCGCCGGCTCAGTAGCCAGGCGTTTGCCTAATGCTGCTTCGCAGGGAT	70 70
H.a H.z	CGAAGGTCGCGGGGTGTCGCGGCGCCCCCCCCCGCTGCTGTCGCCGC	148 148
H.a H.z	GAAGGCCGCCGAAATCTCCACTATTTTGGAGGAAAGGATCCTGGGTTCCGCTCCCAAGGCTGATTTGGAA	$\frac{210}{210}$
H.a H.z	GAGACTGGCCGCGTATTGAGCATTGGAGATGGTATCGCCCGTGTCTATGGTCTCAAGAACATCCAGGCCG	280 280
H.a H.z	AGGAGATGGTGGAATTCTCCTCTGGTCTTAAGGGTATGGCCCTTAACTTGGAGCCCGACAACGTCGGTGT aa	350 350
H.a H.z	GGTAGTATTCGGTAACGACAGACACATCAAGGAGGGTGACATCGTCAAGCGTACCGGCGCCATCGTGGAC	$420 \\ 420$
H.a H.z	GTGCCCGTCGGTGAACAGCTGCTGGGTCGCGTCGTGGACGCTCTGGGTAATGCCATCGACGGCAAGGGCC	490 490
H.a H.z	CCGTCGACACCAAGAGCCGCATGCGTGTCGGTATCAAGGCTCCCGGTATCATCCCCCGTGTGTCTGTGCG	560 560
H.a H.z	CGAGCCTATGCAGACTGGTATCAAGGCCGTCGACTCCCTGGTACCCATCGGTCGTGGACAGCGTGAGCTG	630 630
H.a H.z	ATCATTGGTGACCGTCAGACCGGCAAGACTGCCCTGGCCATCGACACCATCATCAACCAGCAGCGTTTCA	700 700
H.a H.z	ACAAGGGAGACGACGAGAAGAAGAAGAAGCTGTACTGCATCTACGTCGCCATCGGACAGAAGAGGGTCCACCGT	770 770
H.a H.z	CGCCCAGATCGTGAAGAGGTTGACTGATGCTGGTGCCATCAACTACACCATCATCGTGTCTGCCACGGCC	840 840
H.a H.z	TCCGACGCCGCTCCCCTGCAGTACCTCGCCCCCTACTCGGGCTGCGCCATGGGAGAGTTCTTCCGTGACA	3 18
H.a H.z	ACGGCAAGCACGCCCTCATCATCTACGACGACTTGTCCAAGCAGGCTGTCGCCTACCGTCAGATGTCTCT	980 980
H.a H.z	GCTGCTGCGTCGTCCCCCGGTGAGGCCTACCCCGGTGATGTGTTCTACCTCCACTCTCGTCTGCTC	1 050 1 050
H.a H.z	GAGCGTGCCGCTAAGATGTCCGACAAGATGGGTGGTGGTTCCCTGACCGCCCTGCCCGTCATCGAGACCC	$ \begin{array}{c} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \\ 2 \\ 0 \\ \end{array} $
H.a H.z	AGGCTGGTGACGTGTCCGCCTACATTCCTACCAACGTGATTTCCATCACTGACGGCCAGATCTTCTTGGA	1 190 1 190
H.a H.z	GACTGAGCTGTTTTACAAGGGTATCCGCCCCGCCATCAACGTCGGTCTGTCT	1 260 1 260
H.a H.z	GCTGCCCAGACCAAGGCCATGAAGCAGGTGGCCGGTTCCATGAAGCTGGAGTTGGCCCAGTACCGTGAGG	1 330 1 330
H.a H.z	TCGCTGCCTTCGCCCAGTTCGGTTCCGACTTGGACGCCGCTACCCAGCAGCTGCTGAACCGTGGTATGCG	1 488
H.a H.z	TCTGACTGAGCTGCTGAAGCAGGGACAGTACGTGCCCATGGCCATTGAGGAACAGGTCGCCATCATCTAC	1 478
H.a H.z	TGTGGTGTCCGTGGTCACCTCGACAAACTTGACCCCAGCAAGATCACCGCTTTCGAGAAGGAGTTCACCC	1 348
H.a H.z	AGCACATCAAGACCAGCCACCAGGGTCTGTTGGCCACCATCGCCAAGGACGGTCAGATCACCCCTGAGTC	1 610 1 610
H.a H.z	TGACGCTTCACTCAAGAAGATCGTATCAGACTTCTTGGCTACCTTCACCCAGGCTGCCTCGCGCTAA	1 877

图中H.a 和H.z分别为棉铃虫和美洲棉铃虫。H.a, H.z indicate Helicoverpa armigera and H. zea, respectively.

图4 棉铃虫ATPs-α基因与美洲棉铃虫的核苷酸进行序列比对

Fig. 4 Sequence alignment of ATPs-a genes from Helicoverpa armigera and H. zea

此外,ATPs-α也可能不通过与Cry2Ab的结合 来影响其毒理。近几年来,众多报道揭示ABC转运 蛋白是Bt蛋白的主要受体,他们的突变也引起了普 遍的高水平昆虫抗药性。ABC转运蛋白具有2个主要的跨膜区和2个主要的ATP结合区,是一种重要的跨膜转运蛋白,以主动转运方式消耗ATP完成转

运功能。ATPs-α的重要功能就是参与合成ATP。 在棉铃虫中,两类ABC转运蛋白已经被证实是 Cry2Ab的受体(Tay et al., 2015; Chen et al., 2018; Yang et al., 2019),后续研究ABC转运蛋白中ATP 的利用在Cry2Ab毒理中的作用也有利于揭示 ATPs-a在Cry2Ab毒理过程中的作用。



Fig. 5 Effects of silencing ATPs- α on the cytotoxicity in midgut cells

图中数据为平均数±标准差。不同字母表示经Tukey法检验在P<0.05水平差异显著。Data are mean±SD. Different letters indicate significant at P<0.05 level by Tukey test.

参考文献 (References)

- Abbott WS. 1925. A method of computing the effectiveness of an insecticide. Journal of Economic Entomology, 18: 265–267
- Bayyareddy K, Andacht TM, Abdullah MA, Adang MJ. 2009. Proteomic identification of *Bacillus thuringiensis* subsp. *israelensis* toxin Cry4Ba binding proteins in midgut membranes from *Aedes* (Stegomyia) *aegypti* Linnaeus (Diptera, Culicidae) larvae. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 39(4): 279–286
- Brown SV, Hosking P, Li JL, Williams N. 2006. ATP synthase is responsible for maintaining mitochondrial membrane potential in bloodstream form *Trypanosoma brucei*. Eukaryotic Cell, 5(1): 45–53
- Candas M, Loseva O, Oppert B, Kosaraju P, Bulla Jr. LA. 2003. Insect resistance to *Bacillus thuringiensis*: alterations in the Indian meal moth larval gut proteome. Molecular Cell Proteomics, 2(1): 19–28
- Chauhan VK, Dhania NK, Lokya V, Bhuvanachandra B, Padmasree K, Dutta-Gupta A. 2021. Midgut aminopeptidase N expression profile in castor semilooper (*Achaea janata*) during sublethal Cry toxin exposure. Journal of Biosciences, 46: 29
- Chen L, Wei JZ, Liu C, Zhang WN, Wang BJ, Niu LL, Liang GM. 2018. Specific binding protein ABCC1 is associated with Cry2Ab toxicity in *Helicoverpa armigera*. Frontiers in Physiology, 9: 745
- Chen LZ, Liang GM, Zhang J, Wu KM, Guo YY, Rector BG. 2010. Proteomic analysis of novel Cry1Ac binding proteins in *Helicov-erpa armigera* (Hübner). Archives of Insect Biochemistry and Physiology, 73(2): 61–73
- El-Menofy W, Osman G, Assaeedi A, Salama M. 2014. A novel recombinant baculovirus overexpressing a *Bacillus thuringiensis* Cry1Ab toxin enhances insecticidal activity. Biological Procedures Online, 16: 7

- Ferré J, van Rie J, MacIntosh SC. 2008. Insecticidal genetically modified crops and insect resistance management (IRM). // Romeis J, Shelton AM, Kennedy GG. Integration of insect-resistant genetically modified crops within IPM programs. Dordrecht: Springer
- Gazit E, Rocca PL, Sansom MS, Shai Y. 1998. The structure and organization within the membrane of the helices composing the poreforming domain of *Bacillus thuringiensis* δ -endotoxin are consistent with an "umbrella-like" structure of the pore. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 95(21): 12289–12294
- Hu J, Xia YX. 2016. F₁-ATP synthase α-subunit: a potential target for RNAi-mediated pest management of *Locusta migratoria manilen*sis. Pest Management Science, 72(7): 1433–1439
- Hu XC, Zhou HJ, Hu FY, Ma CL, Zhao JH, Huang C, Zheng XL, Xu J, Yu XB. 2009. Tissular and subcellular localization of the ATP synthase B subunit in *Clonorchis sinensis*. Chinese Journal of Parasitology & Parasitic Diseases, 27(2): 95–101 (in Chinese) [胡旭初, 周红娟, 胡凤玉, 马长玲, 赵俊红, 黄灿, 郑小凌, 徐劲, 余新炳. 2009. 华支睾吸虫 ATP 合酶 b 亚基的组织和亚细胞定位. 中国 寄生虫学与寄生虫病杂志, 27(2): 95–101]
- Huet D, Rajendran E, van Dooren GG, Lourido S. 2018. Identification of cryptic subunits from an apicomplexan ATP synthase. eLife, 7: e38097
- ISAAA. 2021. Global status of commercialized biotech/GM crops in 2019: Biotech crops drive socio-economic development and sustainable environment in the New Frontier. ISAAA Brief No. 55. ISAAA, Ithaca, NY.
- Krishnamoorthy M, Jurat-Fuentes JL, McNall RJ, Andacht T, Adanga MJ. 2007. Identification of novel Cry1Ac binding proteins in midgut membranes from *Heliothis virescens* using proteomic analyses. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 37(3): 189–201

- Leyva JA, Bianchet MA, Amzel LM. 2003. Understanding ATP synthesis: structure and mechanism of the F1-ATPase. Molecular Membrane Biology, 20(1): 27–33
- Li J, Carroll J, Ellar DJ. 1991. Crystal structure of insecticidal delta-endotoxin from *Bacillus thuringiensis* at 2.5 A resolution. Nature, 353(6347): 815–821
- Liu SS, Wang M, Li XC. 2015. Overexpression of tyrosine hydroxylase and Dopa decarboxylase associated with pupal melanization in *Spodoptera exigua*. Science Reports, 5: 11273
- Nair MS, Dean DH. 2008. All domains of Cry1A toxins insert into insect brush border membranes. Journal of Biological Chemistry, 283(39): 26324–26331
- Ohsawa M, Tanaka M, Moriyama K, Shimazu M, Asano S, Miyamoto K, Haginoya K, Mitsui T, Kouya T, Taniguchi M, et al. 2012. A 50-Kilodalton Cry2A peptide is lethal to *Bombyx mori* and *Lymantria dispar*. Applied and Environmental Microbiology, 78(13): 4755–4757
- Pan ZZ, Xu L, Liu B, Zhang J, Chen Z, Chen QX, Zhu YJ. 2017. PxA-PN5 serves as a functional receptor of Cry2Ab in *Plutella xylostella* (L.) and its binding domain analysis. International Journal of Biological Macromolecules, 105 (Pt 1): 516–521
- Qiu L, Zhang BY, Liu L, Ma WH, Wang XP, Lei CL, Chen L. 2017. Proteomic analysis of Cry2Aa-binding proteins and their receptor function in *Spodoptera exigua*. Scientific Reports, 7: 40222
- Raymond B, Johnston PR, Nielsen-LeRoux C, Lereclus D, Crickmore N. 2010. *Bacillus thuringiensis*: an impotent pathogen? Trends in Microbiology, 18(5): 189–194
- Rubio-Infante N, Ilhuicatzi-Alvarado D, Torres-Martínez M, Reyes-Grajeda JP, Nava-Acosta R, González-González E, Moreno-Fierros L. 2018. The macrophage activation induced by *Bacillus thuringiensis* Cry1Ac protoxin involves ERK1/2 and p38 pathways and the interaction with cell-surface-HSP70. Journal of Cellular Biochemistry, 119(1): 580–598
- Schnaufer A, Clark-Walker GD, Steinberg AG, Stuart K. 2005. The F1-ATP synthase complex in bloodstream stage trypanosomes has an unusual and essential function. The EMBO Journal, 24(23): 4029– 4040
- Tay WT, Mahon RJ, Heckel DG, Walsh TK, Downes S, James WJ, Lee SF, Reineke A, Williams AK, Gordon KHJ. 2015. Insect resistance to *Bacillus thuringiensis* toxin Cry2Ab is conferred by mutations in an ABC transporter subfamily A protein. PLoS Genetics 11(11): e1005534
- Tetreau G, Bayyareddy K, Jones CM, Stalinski R, Riaz MA, Paris M,

David JP, Adang MJ, Després L. 2012. Larval midgut modifications associated with *Bti* resistance in the yellow fever mosquito using proteomic and transcriptomic approaches. BMC Genomics, 13(1): 248

- Tomimoto K, Hayakawa T, Hori H. 2006. Pronase digestion of brush border membrane-bound Cry1Aa shows that almost the whole activated Cry1Aa molecule penetrates into the membrane. Comparative Biochemistry and Physiology,: Part B, 144(4): 413–422
- Wang J, Wang HD, Liu SY, Liu LP, Tay WT, Walsh TK, Yang YH, Wu YD. 2017. CRISPR/Cas9 mediated genome editing of *Helicoverpa armigera* with mutations of an ABC transporter gene *HaAB-CA2* confers resistance to *Bacillus thuringiensis* Cry2A toxins. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 87: 147–153
- Wei JZ, Liang GM, Wang BJ, Zhong F, Chen L, Khaing MM, Zhang J, Guo YY, Wu KM, Tabashnik BE. 2016. Activation of Bt protoxin Cry1Ac in resistant and susceptible cotton bollworm. PLoS ONE, 11(6): e0156560
- Wei JZ, Yang S, Zhou S, Liu SK, Cao P, Liu XG, Du MF, An SH. 2021. Suppressing calcineurin activity increases the toxicity of Cry2Ab to *Helicoverpa armigera*. Pest Management Science, 77 (4): 2142–2150
- Wu KM, Lu YH, Feng HQ, Jiang YY, Zhao JZ. 2008. Suppression of cotton bollworm in multiple crops in China in areas with Bt toxincontaining cotton. Science, 321(5896): 1676–1678
- Xu T, Pagadala V, Mueller DM. 2015. Understanding structure, function, and mutations in the mitochondrial ATP synthase. Microbial Cell, 2(4): 105–125
- Yang XW, Chen WB, Song XZ, Ma XL, Cotto-Rivera RO, Kain W, Chu H, Chen YR, Fei ZJ, Wang P. 2019. Mutation of ABC transporter ABCA2 confers resistance to Bt toxin Cry2Ab in *Trichoplusia ni*. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 112: 103209
- Zhong F, Wang YN, Xie BT, Zhang WN, Liang GM, Guo YY. 2016. Cloning and expression analysis of V-ATPase subunit A gene in the cotton bollworm *Helicoverpa armigera* (Hübner). Journal of Plant Protection, 43(5): 705-712 (in Chinese) [钟丰, 王亚楠, 谢 丙堂, 张万娜, 梁革梅, 郭予元. 2016. 棉铃虫 V-ATP 酶亚基A基 因克隆及表达谱分析. 植物保护学报, 43(5): 705-712]
- Zíková A, Schnaufer A, Dalley RA, Panigrahi AK, Stuart KD. 2009. The F₀F₁-ATP synthase complex contains novel subunits and is essential for procyclic *Trypanosoma brucei*. PLoS Pathogens, 5(5): e1000436

(责任编辑:王 璇)