

张鑫泽,张慧杰,周义成,等.萝卜蚜端粒逆转录酶 TERT 基因的鉴定与表达分析[J].华中农业大学学报,2020,39(6):8-14.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2020.06.002

萝卜蚜端粒逆转录酶 TERT 基因的鉴定与表达分析

张鑫泽,张慧杰,周义成,李昭,王赫远,朱智慧

华中农业大学植物科学技术学院/湖北省昆虫资源利用与害虫可持续治理重点实验室,武汉 430070

摘要 为探究端粒酶逆转录酶基因(telomerase reverse transcriptase, TERT)在昆虫生长发育过程中的作用机制,以萝卜蚜 *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach)为研究对象,克隆其 TERT 基因并分析其时空表达情况。结果发现,萝卜蚜 TERT 基因的 CDS 区长 2 658 bp,编码 885 个氨基酸,其二级结构含 41 个 α -螺旋、60 个卷曲螺旋。系统进化分析结果显示,萝卜蚜 TERT 基因与麦双尾蚜 *Diuraphis noxia* 的 TERT 基因关系最近,与桃蚜 *Myzus persicae*、豌豆蚜 *Acyrtosiphon pisum* 的 TERT 基因同源性较高。实时荧光定量 PCR 显示,TERT 基因在萝卜蚜生长发育过程中的各个龄期及组织中均有表达,且成虫 TERT 基因的相对表达量依次高于 1 龄、2 龄、3 龄、4 龄若虫;TERT 基因在萝卜蚜腹部表达量最高,胸部次之,头部表达量最低。以上研究结果表明,TERT 基因在萝卜蚜的生长发育过程中起重要作用,可以选择其同源性低的区域作为基因干扰或沉默的靶标区域,用来防治萝卜蚜在农业上造成的重大危害。

关键词 端粒酶; TERT; 萝卜蚜; 基因克隆; 基因表达; 生物防治

中图分类号 S 433.39 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2020)06-0008-07

萝卜蚜 *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach)属半翅目 Homoptera 蚜科 Aphididae 昆虫,又称菜缢管蚜,是世界上分布最广的蚜虫之一。成虫及若虫通过刺吸植物韧皮部汁液,为害白菜、油菜、萝卜等十字花科蔬菜^[1],造成受害植株发育不良、生长停滞;蜜露易诱发霉污病,影响植株光合作用。此外,萝卜蚜还是传播多种植物病毒的介体昆虫,能够传播多种蔬菜病毒病,危害严重^[2]。目前,萝卜蚜防治主要以化学防治为主,但化学农药造成的环境污染、农药残留、害虫抗药性等问题日益严重^[3]。因此,探究萝卜蚜的致害机制是对其进行防治的重要前提。

端粒(telomere)是一小段 DNA-蛋白质复合体,在保护染色体和控制细胞生长及寿命等方面具有重要作用,并与细胞凋亡及永生等密切相关^[4]。端粒酶(telomerase)是一种核糖核蛋白复合体,由 3 个主要的亚单位构成,其中端粒酶逆转录酶(telomerase reverse transcriptase, TERT)是具有催化活性的亚单位^[5]。在哺乳动物等高等真核生物中,只有在干细胞、生殖细胞等必须不断分裂的细胞中才

能够检测到端粒酶的活性;而在正常的体细胞中,一旦检测出活性,则常常伴随癌症发生^[6];但在无脊椎动物的体细胞中,端粒酶的活性多有报道。目前,端粒酶在等翅目、鳞翅目、直翅目、膜翅目、毛翅目、鞘翅目等昆虫中均被检测到活性,有些种类的 TERT 基因已被克隆^[7-9]。本研究选取萝卜蚜为研究对象,克隆其 TERT 基因,通过生物信息学分析,明确 TERT 基因在萝卜蚜不同龄期、不同组织的表达情况,旨在为研究 TERT 基因在萝卜蚜中的功能提供有效依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1)供试昆虫。萝卜蚜 *L. erysimi* 采集于湖北武汉华中农业大学附近的蔬菜地,采集后放置于温室培养的上青(金美 1 号)上。用毛笔尖轻触待移萝卜蚜,待其拔出口针后移至新鲜的白菜叶片上。注意适时更换白菜,保证室内蚜虫种群稳定,能够多代繁殖。

收稿日期:2019-12-05

基金项目:国家自然科学基金项目(31572329)

张鑫泽,硕士研究生。研究方向:昆虫生理生化。E-mail: 513904662@qq.com

通信作者:朱智慧,博士,副教授。研究方向:昆虫分子生物学。E-mail: zhihui@mail.hzau.edu.cn

2)培养条件。温度(25 ± 1) °C,光周期 14L:10D,湿度 $70\% \pm 5\%$ 。

3)主要试剂及仪器。智能人工气候箱,武汉瑞华仪器设备有限公司;RNAiso Plus 试剂,TaKaRa 公司;cDNA 反转录试剂盒,TaKaRa 公司;PCR,PrimeSTAR® HS DNA Polymerase,TaKaRa 公司;胶回收试剂盒,DNA Gel Extraction Kit,AxyGen 公司;qRT-PCR 试剂盒,TransStart Tip Green qPCR SuperMix,Trans 公司; $2 \times Taq$ Master Mix,SimpleBio。

1.2 样品采集

收集尚未产仔的无翅萝卜蚜成虫若干头置于铺有湿润滤纸的培养皿中,培养皿中放置新鲜白菜,每24 h 更换1次白菜,保持滤纸的干净和湿润。48 h 后可得到1龄萝卜蚜若虫。若蚜共有4个龄期,每蜕1次皮即为1个龄期。挑取1~4龄萝卜蚜若虫各25~30头,萝卜蚜成蚜20~25头置于干净的1.5 mL 无酶离心管中,放于-80 °C 冰箱中保存,待提取RNA。另取50头4龄萝卜蚜若虫于体式显微镜下进行解剖,将解剖得到的头部、胸部、腹部分别置于1.5 mL 无酶离心管中,放于-80 °C 冰箱中保存,待提取RNA。

1.3 萝卜蚜总 RNA 提取(Trizol 法)

将上述样品按照RNA提取的标准方法^[10]分别提取萝卜蚜不同龄期及其不同组织的总RNA,并进行RNA质量检测,检测合格后存于-80 °C 冰箱,保存待用。

1.4 cDNA 合成

利用cDNA反转录试剂盒对总RNA样品进行DNase I 处理,完成从基因组DNA去除到cDNA合成的全过程。

1.5 端粒酶 *TERT* 基因 CDS 序列克隆

利用Blast检索数据库,搜索与萝卜蚜相近物种的同一靶标基因蛋白或cDNA编码的氨基酸序列。用本地获得的二代测序萝卜蚜转录组信息进行比对查询,确定所选基因的序列,进行扩增。根据靶标基因的片段设计3对引物(表1),分3段扩增*TERT* 基因的CDS区域。以萝卜蚜cDNA为模板,根据 $2 \times Taq$ Master Mix (SimpleBio) 说明书扩增靶标基因。反应体系为22 μ L ddH₂O,25 μ L $2 \times Taq$ Master Mix,1 μ L cDNA 模板,1 μ L 正向引物(10 mmol/L),1 μ L 反向引物(10 mmol/L)。反

应条件为95 °C 预变性4 min,95 °C 变性20 s,55~60 °C 退火20 s,72 °C 延伸2 min,35个循环,最后72 °C 延伸7 min。PCR产物用溶解在 $0.75 \times TAE$ buffer的1%琼脂糖凝胶电泳进行检测,检测正确的PCR产物用琼脂糖凝胶回收试剂盒进行回收。回收产物与pMD19-T载体连接,连接体系转化T1感受态细胞,挑取正确阳性克隆送至武汉擎科生物技术有限公司进行测序并拼接。

1.6 端粒酶 *TERT* 基因生物信息学分析

将克隆得到的序列进行生物信息学分析,与NCBI库中的基因序列进行Blast比对,确定端粒酶*TERT* 基因的CDS序列,根据获得的序列信息利用蛋白预测工具PSIPRED(<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>)翻译成氨基酸序列,并对其二级结构进行预测。利用BioEdit软件将萝卜蚜*TERT* 基因编码的氨基酸序列与其他物种进行同源性比较,利用MEGA X软件构建萝卜蚜端粒酶与其他昆虫比对的系统发育进化树。

1.7 实时荧光定量 PCR 分析 *TERT* 表达量

按照本文“1.2”样品采集方法,每个样品设3次生物学重复和3次技术重复。以*eIF* (登录号:MG993328)为内参基因,qRT-PCR引物设计(表1)根据线性回归模型进行分析。将cDNA梯度稀释(1/5、1/25、1/125、1/625、1/3 125)后进行标准曲线绘制,使用扩增效果最好的引物作为本研究qRT-PCR引物。引物设计见表1。

将cDNA产物稀释20倍后作为qRT-PCR模板,反应按照TransStart Tip Green qPCR SuperMix(Trans)说明书进行。qRT-PCR反应体系为5 μ L $2 \times$ TransStart Tip Green qPCR SuperMix,0.2 μ L 正向引物(10 mmol/L),0.2 μ L 反向引物(10 mmol/L),2 μ L cDNA 模板和2.6 μ L ddH₂O。qRT-PCR反应条件为94 °C 30 s,94 °C 5 s,60 °C 30 s,40个循环。数据采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法^[11]进行计算,以分析*TERT* 基因在不同组织、不同龄期的相对表达量。

1.8 数据统计分析

利用SnapGene软件对序列的测序峰图进行人工核对,利用Blast(NCBI)工具对DNA序列进行同源性分析。数据表示为平均值 $\pm$ SE,采用Microsoft Excel 2010进行整理,利用SPSS 20软件进行单因素方差分析和Duncan's 多重比较的差异显著性分析。

表 1 PCR、实时荧光定量 PCR 引物
Table 1 PCR,qRT-PCR primers

引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequences(5'-3')
TERTF1	CGCCGTGCGAAGGTAAATAGTTTC
TERTR1	TTCAATCGTCGCTCGGCCTT
TERTF2	CCGCTGGGCAGACACGTATA
TERTR2	TGGCCGCGTTCAACCGAAAT
TERTF3	AATCTGGGACACGGTGCGTC
TERTR3	CGGTATGGTGGTAGGGGACTGGG
qRT- TERT F	CGACCGCCGTGTCGATTAG
qRT- TERT R	CGGTATGGTGGTAGGGGACTGGG
qRT- eIF F	ATGGCCAAGAAAAAAGATTCCGAAAAGC
qRT- eIF R	ATCAACTACAGTTACTTCTTCTTAACCA

2 结果与分析

2.1 萝卜蚜 TERT 基因编码氨基酸序列及二级结构分析

通过基因克隆、拼接测序,得知萝卜蚜 TERT 基因 (Accession number: MN381841) 序列长度为 2 658 bp,且其起始密码子与终止密码子均包含在序列中即确定为完整的 CDS 序列。序列分析显示,该基因能编码 885 个氨基酸(图 1)。将 TERT 氨基酸序列输入 PSIPRED 进行二级结构分析,发现其二级结构含 41 个 α -螺旋和 60 个卷曲螺旋(图 2)。

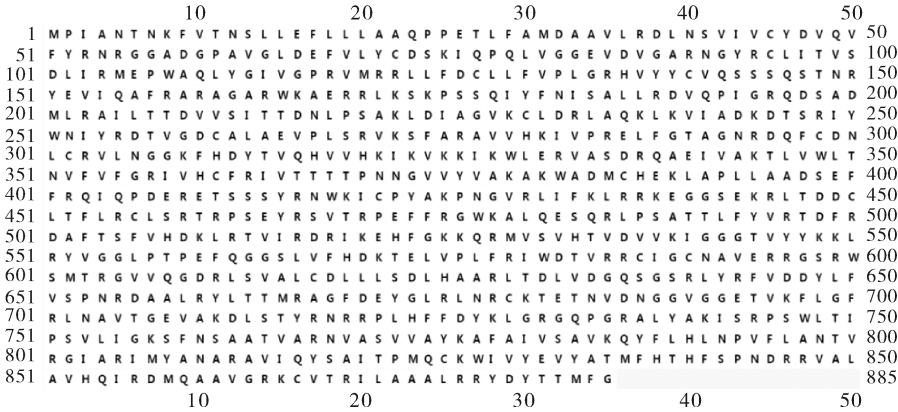
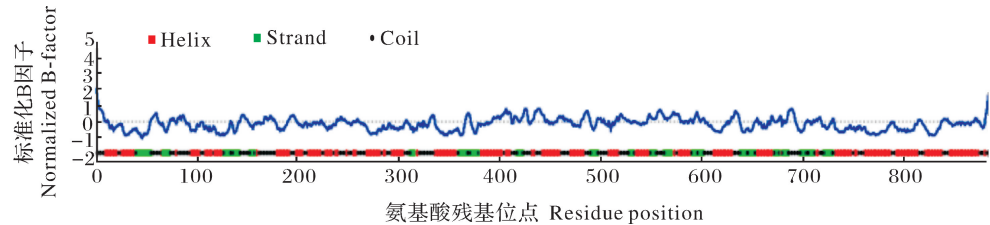


图 1 萝卜蚜 TERT 编码氨基酸序列

Fig.1 Amino acid sequences of TERT in *L. erysimi*



红色(Helix)代表 α -螺旋;灰色(Coil)代表卷曲螺旋;绿色(Green)代表氨基酸链。Red (Helix) stands for α -helix; Gray (Coil) stands for coiled-coil;Green (Strand) stands for amino acid strand.

图 2 萝卜蚜 TERT 编码氨基酸二级结构分析

Fig.2 Predicted secondary structure of TERT in *L. erysimi*

2.2 萝卜蚜端粒酶 TERT 基因与其他昆虫的系统进化分析

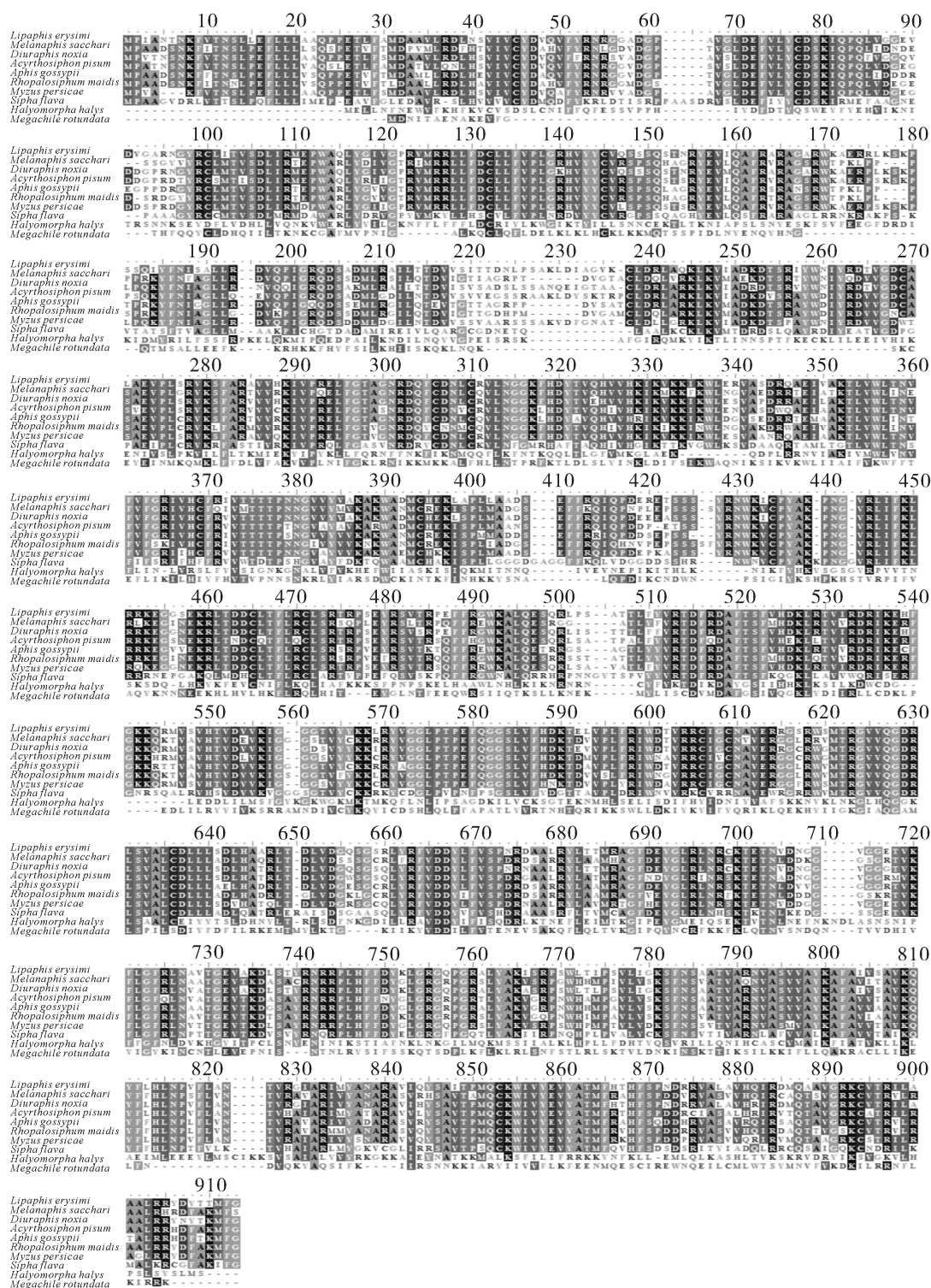
将萝卜蚜端粒酶 TERT 基因推导出来的氨基酸序列与 NCBI 上已公布的其他昆虫的端粒酶氨基酸序列进行同源性比较。Blast 结果显示,萝卜蚜端粒酶序列与其他半翅目昆虫具有较高同源性(图 3)。

利用 MEGEX 软件对其进行系统进化发育分析,结果显示:萝卜蚜端粒酶 TERT 基因与麦双尾蚜 *Diuraphis noxia* TERT 基因的关系最近,与桃

蚜 *Myzus persicae*、豌豆蚜 *Acyrtosiphon pisum* 的 TERT 基因同源性较高。与茶翅蝽 *Halyomorpha halys*、苜蓿切叶蜂 *Megachile rotundata* 同源性较低(图 4)。

2.3 端粒酶 TERT 基因在萝卜蚜不同龄期及不同组织的表达分析

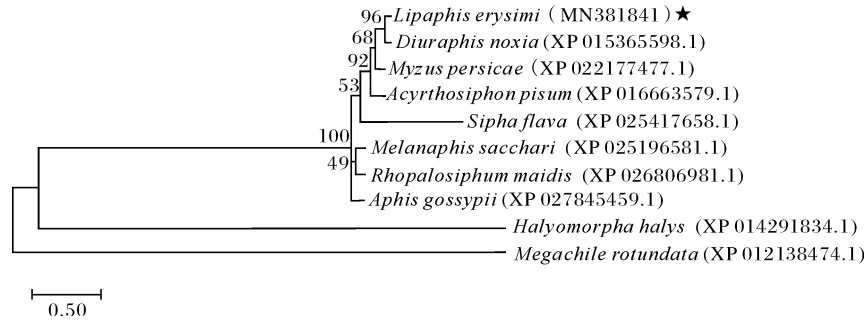
分别用内参基因和 TERT 基因的引物进行扩增效率的检测,结果显示:qRT-TERT 引物扩增效率 $E=104.5\%$, $R^2=0.964$;qRT-eIF 引物扩增效率



蛋白质来源及 GenBank 登录号 Origin species of proteins and their GenBank accession numbers: 麦双尾蚜 *Diuraphis noxia* (XP 015365598.1); 桃蚜 *Myzus persicae* (XP 022177477.1); 豌豆蚜 *Acyrthosiphon pisum* (XP 016663579.1); 玉米缢管蚜 *Rhopalosiphum maidis* (XP 026806981.1); 高粱蚜 *Melanaphis sacchari* (XP 025196581.1); 棉蚜 *Aphis gossypii* (XP 027845459.1); 甘蔗蔗毛蚜 *Siphia flava* (XP 025417658.1); 茶翅蚜 *Halymorpha halys* (XP 014291834.1); 苜蓿切叶蜂 *Megachile rotundata* (XP 012138474.1)。图 4 同 The same as Fig.4.

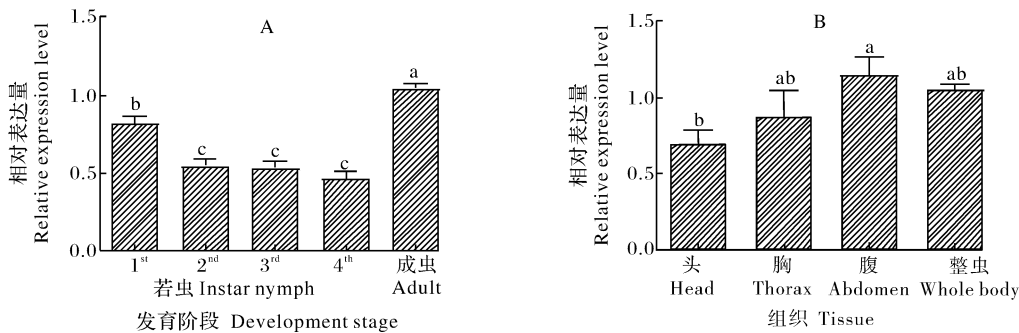
图 3 萝卜蚜与其他 9 种昆虫 TERT 氨基酸序列同源性比较

Fig.3 Alignment of TERT sequences of *L. erysimi* with other insect species

图 4 萝卜蚜 *TERT* 基因与其他昆虫的系统进化分析Fig.4 Phylogenetic tree of the *TERT* from *L. erysimi* and other insect species

$E=95.0\%$, $R^2=0.998$ 。荧光定量 PCR 结果显示: 端粒酶 *TERT* 基因在萝卜蚜每个龄期都有表达 (图 5A)。其中 *TERT* 基因在萝卜蚜成虫期表达量最高, 4 龄若虫期表达量最低; 且成虫期表达量与各龄期表达量均有显著性差异。1 龄、2 龄、3 龄、4 龄若虫及成虫期的表达量分别为 0.82 ± 0.05 、 0.55 ± 0.05 、 0.53 ± 0.05 、 0.46 ± 0.05 、 1.04 ± 0.03

($df=4, 10$; $F=31.09$; $P<0.01$)。端粒酶 *TERT* 基因在萝卜蚜头部、胸部、腹部均有表达 (图 5B)。其中 *TERT* 基因在萝卜蚜头部表达量最低, 胸部次之, 腹部表达量最高, 且腹部表达量与头部表达量有显著性差异。头部、胸部、腹部及整虫的表达量分别为 0.69 ± 0.09 、 0.87 ± 0.17 、 1.14 ± 0.12 、 1.05 ± 0.03 ($df=3, 8$; $F=3.105$; $P=0.089$)。



柱上不同字母表示不同龄期或不同组织 *TERT* 基因的表达量具有显著性差异 ($P<0.05$)。Different letters on the column indicate significant differences in the expression levels of *TERT* at different stages ($P<0.05$).

图 5 *TERT* 基因在萝卜蚜不同发育阶段(A)及不同组织(B)的差异表达分析Fig.5 Differential expression of *TERT* in different stages(A) and tissues(B) of *L. erysimi*

3 讨论

研究表明,在脊椎动物早期的卵母细胞中端粒酶具有较高的活性,随着卵母细胞逐渐成熟,端粒酶的活性不断降低。但是当卵母细胞受精后,端粒酶的活性又明显上升,当其发育成成熟的体细胞后,端粒酶的活性基本消失^[12-13]。蚜虫多数营孤雌生殖,细胞通常会分裂 15~60 次导致细胞衰老,然而蚜虫仍能维持正常生长发育,因此猜测端粒在蚜虫有丝分裂过程中起重要作用。本研究发现,在萝卜蚜生长发育的每个龄期都能检测端粒酶 *TERT* 基因的表达,成虫 *TERT* 基因的相对表达量依次高于

1 龄、2 龄、3 龄、4 龄若虫,且与 2 龄、3 龄、4 龄若虫有显著性差异,验证了端粒酶 *TERT* 基因的重要性,对萝卜蚜每个生长发育阶段都有重要影响。

端粒酶在大多数生物正常组织或细胞中并不表达活性。但少数有增殖潜能的细胞,如造血干细胞、生殖细胞、癌细胞等都有低水平端粒酶活性表达^[14-15]。本研究取发育基本成熟且表达量最低的 4 龄萝卜蚜若虫进行解剖,以整虫作对照检测到其不同组织的端粒酶 *TERT* 基因表达情况。研究发现能够同时在 4 龄萝卜蚜的头部、胸部、腹部检测到 *TERT* 基因的表达,说明在萝卜蚜生长发育过程中端粒酶 *TERT* 基因在其各个组织内都有重要作用。

而4龄萝卜蚜若虫腹部 *TERT* 基因表达量最高,这可能与4龄萝卜蚜基本发育成熟,腹部含生殖细胞有关。

我们对 *TERT* 基因的进一步研究发现,将早期萝卜蚜 *TERT* 基因沉默后,萝卜蚜很快出现死亡现象,且最终死亡率较高(未发表数据)。图3的同源性比较结果显示,萝卜蚜 *TERT* 蛋白与其他蚜虫的 *TERT* 序列同源性很高,同时有些区域的同源性很低。通过与已发表的2种其他昆虫的序列做对比,我们推测其与其他生物的 *TERT* 同源性更低。鉴于绝大部分蚜虫种类都是害虫,我们可以选择与其他生物同源性低的区域作为基因沉默的靶标区域,培育转蚜虫 *TERT* 或萝卜蚜特异性(或其他蚜虫特异性) *TERT* 的 dsRNA 转基因作物,来防治蚜虫的危害,从而解决蚜虫化学防治中出现的一系列问题。

参考文献 References

- [1] 胡玲玲,刘勇,徐洪富,等. 桃蚜、萝卜蚜的种内密度和种间竞争效应[J]. 生物安全学报,2004,13(1):77-80. HU L L, LIU Y, XU H F, et al. Intra-and interspecific relationship of *Myzus persicae* (Sulzer) and *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach) on cabbage[J]. Journal of biosafety, 2004, 13(1): 77-80 (in Chinese with English abstract).
- [2] 刘树生,孟学多. 桃蚜、萝卜蚜发育速率与温度的关系[J]. 植物保护学报,1990,17(2):169-175. LIU S S, MENG X D. The relationships between temperature and development rates of *Myzus persicae* and *Lipaphis erysimi*[J]. Journal of plant protection, 1990, 17(2): 169-175 (in Chinese with English abstract).
- [3] 张秋圆,李昭,张慧杰,等. 萝卜蚜有翅型和无翅型转录组差异分析[J]. 华中农业大学学报,2019,38(4):40-44. ZHANG Q Y, LI Z, ZHANG H J, et al. Transcriptomic analysis of winged and wingless *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach) [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2019, 38(4): 40-44 (in Chinese with English abstract).
- [4] 宋婕,何丽华. 端粒和端粒酶与肿瘤关系的研究进展[J]. 现代中西医结合杂志,2003,12(18):2020-2021. SONG J, HE L H. Research progress on the relationship between telomere telomerase tumor[J]. Modern journal of integrated traditional chinese and western medicine, 2003, 12(18): 2020-2021 (in Chinese).
- [5] AKIYAMA B M, STONE M D. Structural biology: a solution to the telomerase puzzle[J]. Nature, 2013, 496(7444): 177-178.
- [6] 曹瑞珍,薛艳,张丽伟. 端粒、端粒酶和肿瘤、细胞衰老[J]. 内蒙古民族大学学报(自然科学版),2006,21(2):188-191. CAO R Z, XUE Y, ZHANG L W. Telomere, telomerase and tumor, cell senescence[J]. Journal of Inner Mongolia University for Nationalities (natural sciences edition), 2006, 21(2): 188-191 (in Chinese with English abstract).
- [7] SASAKI T, FUJIWARA H. Detection and distribution patterns of telomerase activity in insects[J]. European journal of biochemistry, 2000, 267(10): 3025-3031.
- [8] KORANDOVA M, KRUCEK T, VRBOVA K, et al. Distribution of TTAGG-specific telomerase activity in insects[J]. Chromosomeresearch, 2014, 22(4): 495-503.
- [9] ROBERTSON H M, GORDON K H J. Canonical TTAGG-repeat telomeres and telomerase in the honey bee, *Apis mellifera*[J]. Genome research, 2006, 16(11): 1345-1351.
- [10] 李冉冉,王兵,胡胜,等. 不同RNA提取方法的效能比较[J]. 刑事技术,2018,43(6):431-435. LI R R, WANG B, HU S, et al. Comparative evaluation on different RNA extraction methods [J]. Forensic science and technology, 2018, 43(6): 431-435 (in Chinese with English abstract).
- [11] LIVAK K J, SCHMITTGEN T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)) method[J]. Methods, 2001, 25(4): 402-408.
- [12] CONG Y S, WRIGHT W E, SHAY J W. Human telomerase and its regulation[J]. Microbiology and molecular biology reviews, 2002, 66(3): 407-425.
- [13] BLASCO M A. Telomeres and human disease: ageing, cancer and beyond[J]. Nature reviews genetics, 2005, 6(8): 611-622.
- [14] 张涵渝. 端粒和端粒酶结构与作用的研究进展[J]. 信息记录材料,2018,19(8):2-4. ZHANG H Y. Research progress of telomere and telomerase structure and function[J]. Information recording materials, 2018, 19(8): 2-4 (in Chinese).
- [15] KOSEBENT E G, UYSAL F, OZTURK S. Telomere length and telomerase activity during folliculogenesis in mammals[J]. Journal of reproduction and development, 2018, 64(6): 477-484.

Identification and expression of *TERT* in *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach)

ZHANG Xinze, ZHANG Huijie, ZHOU Yicheng, LI Zhao, WANG Heyuan, ZHU Zhihui

*Hubei Insect Resources Utilization and Sustainable Pest Management Key Laboratory/
College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China*

Abstract The *Lipaphis erysimi* (Kaltenbach) is one of the agricultural insects endangering cruciferous vegetables, and it has a rapid propagation speed and is distributed all over the world. Telomerase reverse transcriptase (*TERT*) is a catalytic subunit of telomerase, which not only can induce telomerase activity to affect cell aging and apoptosis, but also has other biological functions besides telomerase dependent. In order to clarify the mechanism of the telomerase reverse transcriptase (*TERT*) in insect growth and development, the *TERT* in *L. erysimi* (Kaltenbach) was cloned and its spatial and temporal expression was analyzed. According to the local transcriptome library, the related sequences of *TERT* gene of *L. erysimi* were screened, and the CDS sequences of *TERT* gene were cloned by gene amplification. The full-length sequence of the CDS region of the gene is 2 658 bp, which can encode 885 amino acid residues. Its secondary structure contains 41 alpha-helices and 60 coiled coils. After uploading it to the NCBI, it was found that the gene has the highest homology with *Diuraphis noxia*, and has low homology with other species. The relative expression of *TERT* in different ages and tissues of *L. erysimi* was analyzed by real-time PCR. The results showed that the relative expression of *TERT* gene in the adult stage of *L. erysimi* was the highest, and there were significant differences with each age. The expression level of 1st instar nymph was significantly lower than that of adults, but significantly higher than that of 2nd, 3rd and 4th instar nymphs. The expression level of 4th instar nymph was the lowest, but there was no significant difference with that of 2nd and 3rd instar nymphs. Subsequently, the 4th instar nymphs, which is basically mature and has the lowest expression level of *TERT* gene, was selected for dissection. We were able to simultaneously detect the expression of *TERT* gene in the head, chest and abdomen of 4th instar nymphs with the highest expression in the abdomen. These results suggest that the *TERT* gene plays an important role in the growth and development of *L. erysimi*, and the region with low similarity can be selected as the target region for gene interference or silence so as to control the major harm caused by *L. erysimi* in agriculture.

Keywords telomerase; telomerase reverse transcriptase; *Lipaphis erysimi*; gene clone; gene expression; biological control

(责任编辑:边书京)