花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与其寄主挥发物的分子对接

郭 莉'谢寿安1* 杨 平! 巩雪芳2 陈 迪! 吕淑杰!

(1. 西北农林科技大学林学院,陕西杨陵 712100; 2. 中国科学院成都生物研究所,成都 610041)

摘要:为明确花椒窄吉丁 Agrilus zanthoxylumi 气味结合蛋白 AzanOBP3 与其寄主花椒 Zanthoxylum bungeanum 主要气味挥发物的结合模式及结合能力,利用 Signal P 5.0 和 ProParam Tool-ExPASy 软 件对 AzanOBP3 的基本理化性质进行生物信息学分析,采用 Swiss-Model 对 AzanOBP3 序列进行同 源建模,通过 SAVES 5.0 软件中 Verify-3D、ERRAT 以及 ProCheck 模块评价模型,应用 AutoDock Tool 1.5.6 软件对 AzanOBP3 模型和46种主要寄主挥发物进行分子对接分析。结果显示,花椒窄吉丁 气味结合蛋白 AzanOBP3 同源建模所得模型质量较好,其 Verify-3D、ERRAT 以及 ProCheck 得分均符 合同源建模要求。AzanOBP3 同源建模所得模型质量较好,其 Verify-3D、ERRAT 以及 ProCheck 得分均符 合同源建模要求。AzanOBP3 与46种花椒气味挥发物主要以氢键、疏水作用和范德华力相结合,其中, 13种链状配体与 AzanOBP3 的结合能力总体上弱于 33种环状配体,链状配体中的芳樟醇和环状配体 中的荜澄茄油烯与 AzanOBP3 动结合能力总体上弱于 33种环状配体,链状配体中的芳樟醇和环状配体 中的荜澄茄油烯与 AzanOBP3 表现出较好的结合能力,自由结合能分别为-5.2 kJ/mol 和-6.6 kJ/mol。 最终筛选出4种链状配体(乙酸芳樟酯、芳樟醇、乙酸香叶酯和别罗勒烯)和10种环状配体(乙酸松 油酯、β-石竹烯、葎草烯、3-蒈烯、荜澄茄油烯、右旋大根香叶烯、β-榄香烯、乙酸叶醇酯、可巴烯和倍 半水芹烯)可与 AzanOBP3 稳定结合。表明花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 能与寄主植物花 椒的多种挥发性物质结合,推测 AzanOBP3 可能在其寻找寄主与取食行为中发挥着重要作用。 关键词:花椒窄吉丁; 气味结合蛋白; 寄主挥发物; 同源建模; 分子对接

Molecular docking of AzanOBP3 in jewel beetle *Agrilus zanthoxylumi* with its host volatiles

Guo Li¹ Xie Shou'an^{1*} Yang Ping¹ Gong Xuefang² Chen Di¹ Lü Shujie¹

(1. College of Forestry, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi Province, China; 2. Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041, Sichuan Province, China)

Abstract: In order to clarify the binding mode and ability of AzanOBP3 in *Agrilus zanthoxylumi* with the main volatiles from its host *Zanthoxylum bungeanum*, Signal P 5.0 and ProParam Tool-ExPASy softwares were used to predict the basic properties of AzanOBP3. The Swiss-model was used to construct homologous models of AzanOBP3, and the model equality was evaluated using Verify-3D, ERRAT and Procheck. AutoDock Tool 1.5.6 was used to perform molecular docking analysis on AzanOBP3 model and 46 main host volatiles. The results showed that the quality of the homology modeling of AzanOBP3 in *A. zanthoxylumi* was reliable, and its Verify-3D, ERRAT, and ProCheck scores all met the homology modeling requirements. Molecular docking showed that AzanOBP3 combined with 46 host volatiles mainly through hydrogen bonding, hydrophobic interaction and van der Waals force. The binding ability

基金项目:国家公益性行业(林业)科研专项(201504324),云南省林业科技推广示范项目(云[2019]TG01号),陕西省第二批特支计划领军人才 项目(陕组通字2020-44号)

^{*} 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: shouanxie@163.com 收稿日期: 2020-07-29

of 13 chain ligands to AzanOBP3 was weaker than that of 33 cyclic ligands. Among them, linalool and α -cubebene performed better, with a free binding energy of -5.2 kJ/mol and -6.6 kJ/mol, respectively. Four kinds of chain ligands (linalyl acetate, linalool, geranyl acetate and allo-ocimene) and ten kinds of cyclic ligands (terpineol acetate, β -caryophyllene, humulene, 3-carene, piperene, α -cubebene, β -elemene, *cis*-3-hexenyl phenylacetate, α -copaene and β -sesquiphellandrene) were screened out, which stably bo-und to AzanOBP3. AzanOBP3 had a binding capacity with main host plant volatiles, suggested a significant role in insect feeding and host locating.

Key words: Agrilus zanthoxylumi; odorant binding protein; host volatile; homology modeling; molecular docking

花椒窄吉丁Agrilus zanthoxylumi 属鞘翅目吉丁 科窄吉丁属昆虫,在陕西省1年发生1代,是为害花 椒树干的重要害虫(党心德等,1988;李孟楼等, 1990)。该虫仅为害花椒,其幼虫取食花椒树韧皮 部,后逐渐蛀蚀形成层,老熟后向木质部蛀蚀化蛹坑 道,成虫取食花椒叶补充营养,从而导致树势衰弱, 枝干流胶枯死,产量显著降低,严重时可导致整片花 椒林死亡(张伟,2009)。目前,花椒窄吉丁的防治仍 以化学防治为主,而关于其绿色无公害防治未见明 确报道。基于信息化学物质的引诱技术是绿色无公 害防治的有效手段,能够在保证病虫害防治效果的 同时保护生态环境免受影响和污染。挥发性化合物 是信息化学物质中的重要成员。目前,刘绥鹏等 (2016)对花椒窄吉丁为害后的花椒挥发物成分进行 了鉴定;袁丽芳(2016)和王延来等(2020)于花椒窄 吉丁高发期对3种花椒果实挥发物成分进行了测 定,初步获得了对花椒窄吉丁成虫有电生理活性和 行为活性的组分。

引诱剂主要利用昆虫的嗅觉识别机制来防治害 虫。昆虫通过寄主挥发物等气味信息来完成寄主定 位等行为活动,这类气味挥发物通常是脂溶性的,具 有较强的疏水性,不能被昆虫直接识别,需要气味结 合蛋白(odorant binding protein, OBP)来帮助气味物 质在昆虫淋巴液中溶解。Vogt & Riddiford(1981) 首次在多声目大蚕蛾 Antheraea polyphemus 雄成虫 触角中鉴定出第1个OBP家族成员性信息素结合蛋 白(pheromone binding protein, PBP),目前昆虫纲中 OBP的鉴定已经涵盖了鳞翅目、直翅目、鞘翅目以 及膜翅目等12个目(张玉等,2019)。因此,探究气 味结合蛋白与寄主气味挥发物的结合模式,筛选能 和气味结合蛋白有效结合的寄主气味挥发物,利用 花椒窄吉丁寄主挥发物筛选出新型引诱剂配方成为 了亟待解决的重要问题。为进一步揭示昆虫OBP 对环境中复杂气味物质的识别机制,通常经过表达、 纯化及产物结晶等多个步骤得到OBP晶体结构,但 该方法解析蛋白的过程繁琐冗长,随着计算机技术 的不断发展,可通过同源建模分子对接方法研究 OBP的结构并预测其功能,分析OBP与相关化学物 质的结合模式,从而筛选能和OBP相互作用的小分 子化合物,以期为开发绿色无公害引诱剂提供新的 配方(阎伟等,2017;郭冰等,2019)。

分子对接技术是通过构建并优化蛋白质与小分 子化合物的三维结构,将小分子匹配到蛋白质的结 合位点上,并评估结合力强弱的一种生物分析技术 (李敏等,2019)。He et al.(2010)首次通过分子对接 技术研究了家蚕 Bombyx mori 普通气味结合蛋白 GOBP2与性信息素成分的结合机制。随后大量的 气味结合蛋白同相关化学物质结合情况的研究在鞘 翅目昆虫中展开,验证了气味结合蛋白在昆虫定位 和取食行为中的作用。如Zhuang et al.(2014)发现 华北黑鳃金龟甲 Holotrichia oblita 的 HoblOBP1 和 苯甲酸乙酯主要通过范德华力和疏水作用结合,其 中氨基酸Tyr11和Ile80是HoblOBP1结合的关键位 点;Li et al.(2015)发现与花绒寄甲 Dastarcus helophorides的DhelOBP21结合能力较好的配体大小在 100~125 Å之间;之后 Li et al.(2020)进一步验证了 松墨天牛 Monochamus alternatus 中的 MaltOBP9 和 MaltOBP10与气味物质具有广泛的结合能力,在嗅 觉识别机制中发挥着重要作用。

目前, 巩雪芳等(2020)和杨平等(2020)已成功 克隆表达了花椒窄吉丁与嗅觉识别机制相关的气味 结合蛋白 AzanOBP3 和化学感受蛋白 AzanCSP3。 本研究拟对 AzanOBP3 进行同源建模, 以 AzanOBP3 为受体, 以花椒气味挥发物为配体, 通过 AutoDock Tool 1.5.6软件进行分子对接, 模拟 AzanOBP3 与寄 主挥发物的结合方式, 初步解析花椒窄吉丁 AzanOBP3 与寄主挥发物的结合机制, 以期为筛选新型 绿色无公害高效引诱剂提供理论基础和参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试AzanOBP3 序列:从本课题组前期获得的 花椒窄吉丁雌雄成虫触角转录组数据中筛选得到, NCBI数据库基因登录号为MT318832。

供试花椒气味挥发物:选取本课题组前期鉴定的46种寄主花椒主要气味挥发物用于AzanOBP3的分子对接,预试验发现46种气味挥发物主要结合在蛋白受体的空腔中或者空腔表面,参考Mao et al. (2010)的AzanOBP3同源建模模板以及郑志川(2017)对配体物质的分类依据,将46种花椒气味挥发物分为链状配体和环状配体。链状配体共13种,包含烯烃类4种、烷类1种、醇类4种、酮类1种、醛类1种以及酯类2种;环状配体共33种,包含烯烃类22种、醇类3种、酮类1种、酯类2种、芳香烃类4种以及醚类1种。46种寄主花椒气味挥发物的二级结构于PubChem(https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/)中下载,利用ChemBio 3D 17.1软件模拟其三维结构。

1.2 方法

1.2.1 AzanOBP3的同源建模

同源建模前先对AnznOBP3进行基本理化特性 分析。使用 Signal P 5.0 软件预测 AzanOBP3 氨基 酸序列的信号肽位置,应用ProParam Tool-ExPASy 软件(https://web.expasy.org/protparam/)分析蛋白质 氨基酸组成、相对分子质量和等电点等。以删除信 号肽的AzanOBP3氨基酸序列为目标蛋白序列,通 过 Swiss-Model 软件(https://swissmodel.expasy.org/) 搜寻同源建模的模板蛋白。综合模板蛋白搜寻给出 的全球模型质量估算(global model quality estimation, GMQE) 值、定性模型能量分析 (qualitative model energy analysis, QMEAN)值、AzanOBP3 与模 板蛋白的氨基酸序列一致性应大于等于30%以及 模板蛋白是否具有X射线衍射晶体结构的条件,选 择出最适晶体结构作为模板蛋白(Qu et al., 2016)。 利用Clustal X比较AzanOBP3和模板蛋白的氨基酸 序列一致性,通过ESPript 3.0程序(http://espript.ibcp.fr/ESPript/cgi-bin/ESPript.cgi)对多序列比对结果 进行着色处理,完成AzanOBP3三维模型的构建。

1.2.2 AzanOBP3 同源建模所得模型评价及分析

通过 SAVES 5.0 软件(https://servicesn.mbi.ucla. edu/SAVES/)中 ProCheck、Verify-3D 以及 ERRAT 三 个模块评价 1.2.1 所建 AzanOBP3 模型的质量。利 用 ProCheck 程序评价蛋白质三维结构的立体化学 质量,结果以拉氏构象图呈现,表明了蛋白质残基中 二面角 φ 和 ψ之间的相互关系,若90% 以上的氨基 酸残基处于最佳区域则认为该模型结构可靠(Laskowski et al.,1996)。利用 Verify-3D 程序通过确定 蛋白质三维结构与氨基酸序列一级结构间的相溶性 来评价结构与序列之间的匹配度,若80% 以上氨基 酸残基三维结构与一级结构对应关系得分大于0.2, 则认为该模型质量合格(Bowie et al.,1991)。利用 ERRAT 程序统计蛋白质中0.35 nm范围内不同原子 类型对之间形成的非共价键数目,若ERRAT 值大于 50%,则认为该模型整体合理(Colovos & Yeates, 1993)。

1.2.3 AzanOBP3与花椒气味挥发物的分子对接

受体和配体间的自由结合能反应了两者间的结 合情况,自由结合能越小说明受体-配体结构越稳 定。本研究利用 Autodock Tool 1.5.6 软件对花椒窄 吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 和46 种花椒气味挥 发物进行半柔性分子对接,其中AzanOBP3为刚性 受体,寄主挥发物为柔性配体。首先准备受体文件, 通过 AutoDock Tool 1.5.6 软件对蛋白质受体添加氢 键,合并蛋白分子中的非极性氢,识别受体各原子类 型,同时赋予原子电荷以及力场,并储存为PDBQT 格式文件。其次准备配体文件,利用 ChemBio 3D 17.1 软件中 MM2 力场进行配体能量优化,通过 AutoDock Tool 1.5.6 软件识别寄主挥发物小分子受 体各原子类型,同时赋予原子电荷以及力场,并储存 为PDBQT格式文件。然后计算格点相关能量,利 用 Auto grid 模块对定义的配体原子类型形成原子 相互作用能量地图,设置受体与配体的结合搜寻空 间Grid Box,格点盒子中心位于AzanOBP3活性位 点中心,坐标为x=-0.147,y=25.229,z=5.995;格点间 距离为0.375 Å,网格参数为90点×90点×90点,得到 GPF格式的格点参数文件。最后搜寻及评价对接构 象,通过AutoDock Vina进行半柔性分子对接,每组 对接输出10个复合物构象结果,根据复合物构象的 合理程度以及自由结合能等参数进行评价与排序。 选取结合位点合理且自由结合能最小的构象,通过 Discovery Studio 2019 Client 分析评价气味结合蛋 白与寄主挥发物的分子对接结果。

2 结果与分析

2.1 花椒窄吉丁AzanOBP3的基本理化性质

AzanOBP3 含有 137 个氨基酸, 分属 20 种氨基酸, 其中谷氨酸 (glutamic acid, Glu) 含量最高, 为 10.20%, 色氨酸 (tryptophan, Trp) 含量最低, 为 1.50%, 其余依次为赖氨酸 (lysine, Lys)、天冬氨酸

(aspartic acid, Asp)、亮氨酸(leucine, Leu)、脯氨酸 (proline, Pro)、丙氨酸(alanine, Ala)、缬氨酸(valine, Val)、半胱氨酸(cysteine, Cys)、苯丙氨酸(phenylalanine, Phe)、天冬酰胺(asparagine, Asn)、异亮氨酸 (isoleucine, Ile)、甲硫氨酸(methionine, Met)、苏氨 酸(threonine, Thr)、络氨酸(tyrosine, Tyr)、组氨酸 (histidine, His)、丝氨酸(serine, Ser)、精氨酸(arginine, Arg)、谷氨酰胺(glutamine, Gln)、甘氨酸(glycine, Gly),含量分别为9.50%、8.80%、8.00%、5.80%、 5.80%、5.80%、5.10%、5.10%、4.40%、4.40%、4.40%、 4.40%、4.40%、2.90%、2.20%、2.20%和2.20%。 带负电荷的氨基酸残基(Asp+Glu)为26个,带正 电荷的氨基酸残基(Arg+Lys)为16个,亲水性指数 为-0.476。预测AzanOBP3分子质量为16.038 kD, 理论等电点为4.79,信号肽预测结果显示,含有从 N-端开始的由18个氨基酸组成的信号肽。

2.2 AzanOBP3 同源建模模板搜索结果

在 PDB 蛋白数据库中对 AzanOBP3 氨基酸序 列进行同源性搜索,得分最高的为致卷库蚊 Culex quinquefasciatus 的气味结合蛋白 CquiOBP1 (ID: 3ogn.1.A),模板覆盖率为97.00%,氨基酸序列同源 性为41.38%,且 CquiOBP1具有通过 X 射线衍射得 到的三维晶体结构,符合蛋白同源建模要求,故选择 CquiOBP1(3ogn.1.A)为模板对 AzanOBP3进行模型 构建。利用 Clustal X对 AzanOBP3 与 CquiOBP1进行 序列比对,两者的二级结构一致性较好,AzanOBP3 的 二级结构主要为α螺旋,AzanOBP3 与 CquiOBP1 均 含有6个保守半胱氨酸(图1),半胱氨酸两两之间氨 基酸数量稳定,形成了3个二硫键,使得 OBP 的整体 结构稳定,有利于 AzanOBP3 模型构建。



红色背景所示为保守氨基酸,蓝色框所示为相同或相似的氨基酸,绿色数字为半胱氨酸形成的二硫键。Conserved residues are highlighted in white letters with a red background, alignment positions are framed in blue box if the corresponding residues are identical or similar, and the green numbers indicate the disulfide bonds formed by cysteine.

图1 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与同源蛋白 CquiOBP1 的序列比对

Fig. 1 Sequence alignment of AzanOBP3 and homologous proteins CquiOBP1

2.3 AzanOBP3 同源建模结果

以CquiOBP1(3ogn.1.A)为模板建模得到Azan-OBP3的构象,AzanOBP3的三维结构模型符合气味 结合蛋白的典型特征,含有6个α螺旋,分别由Ala8~ Leu25(a1)、Asp29~Tyr35(a2)、Glu42~Ser55(a3)、 Val66~Thr72(a4)、Asp75~Val85(a5)和Glu97~Thr111 (a6)位氨基酸组成;6个保守的半胱氨酸残基形成3对 二硫键,起到了稳定气味结合蛋白疏水结合腔的作用 (图2)。半胱氨酸残基Cys21和Cys50、Cys46和Cys98、 Cys88和Cys107间形成3对二硫键分别连接al和a3、 a3和a6、a5和a6。其中a1、a3、a4、a5和a6这5个螺 旋结构形成了AzanOBP3的接合腔,AzanOBP3构 象的C末端延伸到螺旋形成的锥形空腔中,C末端 的氨基酸Tyr11与Phe122形成了蛋白分子内氢键,促 使C末端构成空腔壁的一部分。AzanOBP3因为 a螺旋结构和二硫键的固定作用使得蛋白结构更 加紧密并且形成了疏水结合腔,因此以CquiOBP1 (3ogn.1.A)为模板构建的AzanOBP3模型合理。



图2 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 的三维结构 Fig. 2 Tertiary structure of AzanOBP3

2.4 AzanOBP3 同源建模质量评价及分析

以CquiOBP1(3ogn.1.A)为模板建模得到Azan-OBP3的构象,其GMQE值为0.77,QMEAN值为-0.53, 说明该构象可靠性较高。通过ProCheck程序评价 AzanOBP3的立体化学质量,其拉氏构象图表明AzanOBP3中90.60%的氨基酸残基处于最佳区域, 8.50%的氨基酸残基处于许可区域,0.90%的氨基酸残 基处于勉强许可区,无氨基酸处于不合理区域(图3), 表明AzanOBP3构象的立体化学质量合理;经Verify-3D程序统计分析,构象中89.98%的氨基酸残基 三维结构与一级结构对应关系得分大于0.2(图4), 表明AzanOBP3同源建模结构氨基酸残基结构合 理;通过ERRAT程序统计氨基酸数量,AzanOBP3构 象的ERRAT值为97.25%(图5),该值远大于50%, 表明AzanOBP3中非共价键相互作用整体合理。综 上,所建AzanOBP3构象可进一步用于分子对接。 2.5 AzanOBP3与链状配体分子对接结果

花椒窄吉丁AzanOBP3与13种链状配体的自 由结合能在-5.2~-3.7 kJ/mol之间,其中乙酸芳樟 酯、芳樟醇、乙酸香叶酯和别罗勒烯这4种物质与 AzanOBP3的结合能力较其他链状配体更强,其中 AzanOBP3 与芳樟醇的结合能力最好,自由结合能 为-5.2 kJ/mol, AzanOBP3 主要以氢键、疏水作用和 范德华力与链状配体结合(表1)。AzanOBP3 与芳 樟醇形成氢键的氨基酸为Arg73(2.96 Å)和Glu108 (2.38 Å),形成疏水作用的氨基酸为Leu14(4.07 Å/ 4.29 Å)、Trp57(5.08 Å)、Leu51(4.64 Å)和Leu118 (4.56 Å),形成范德华力的氨基酸为Trp116、Phe84、 Tyr5、Ile81、Met77和His105(大于5.00Å的键长不 再标出)(图6-A)。芳樟醇与AzanOBP3的结合如图 7-A所示,芳樟醇结合口袋处于α螺旋形成的蛋白结 合腔表面,包围芳樟醇的空腔疏水性较好,结合紧密 但容易分离。AzanOBP3的Arg73和Glu108与芳樟 醇之间形成的氢键是使蛋白-配体结合更加稳固的 重要作用力(图 6-A、图 7-B),同样链状配体中香叶 醇和 2-十三烷酮也在 Arg73 和 Glu108 处形成了氢 键,此外反式-2-己烯醛与 Tyr102、反式-2-己烯-1-醇 与 Lys106、乙酸芳樟酯与 Glu38、顺-3-己烯-1-醇与 Tyr35 之间均有氢键形成,推测 Arg73、Glu108、 Tyr102、Lys106、Glu38和 Tyr35是 AzanOBP3 与链状 配体形成氢键的关键位点。





图 3 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 模型的拉氏构象图 Fig. 3 Ramachandran plots of homologous model of AzanOBP3



a: 氨基酸; A: 丙氨酸; K: 赖氨酸; L: 亮氨酸; M: 甲硫氨酸; T: 苏氨酸; D: 天冬氨酸; I: 异亮氨酸; G: 甘氨酸; R: 精氨酸; C: 半胱氨酸; S: 丝氨酸; E: 谷氨酸; P: 脯氨酸; N: 天冬酰胺; H: 组氨酸; V: 缬氨酸。a: Amino acid; A: alanine; K: lysine; L: leucine; M: methionine; T: threonine; D: aspartic acid; I: isoleucine; G: glycine; R: arginine; C: cysteine; S: serine; E: glutamic acid; P: proline; N: asparagine; H: histidine; V: valine.





图5 基于ERRAT程序计算花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 模型残基误差值

Fig. 5 Error values of residues in the homologous model of AzanOBP3 evaluated by using ERRAT

图中白色表示误差值<95%,黑色表示95%≼误差值<99%。White color indicates the error value<95%, black color indicates 95%≤the error value<99%.

表1 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与链状配体分子对接

Table 1 Molecular docking of AzanOBP3 with chain ligand molecules

气味挥发物 Odor volatile compound		物质数字 识别号码 CAS no. (结合能 Binding energy/ kJ/mol)	疏水作用 Hydrophobic interaction	氢键 Hydroger	范德华力 van der Waals force
烯烃 Olefin	月桂烯 Myrence	123-35-3	-4.7	Leu14, Trp57, Met77, Ile81, Phe84, Leu118, His105, Trp116, Phe117	_	Leu51, Tyr53, Arg73, Glu10, His115
	别罗勒烯 Allo-ocimene	7216-56-0	-5.1	Ile37, Tyr102, Lys106, Ala109, Trp116	—	Tyr35, Glu38, Asp39, Met48, His105, Glu110
	β-罗勒烯 <i>Trans-β</i> -ocimene	3779-61-1	-3.8	Lys36, Lys106, Pro113	—	Ala10, Tyr35, Glu38, Glu110
	α-罗勒烯 α-ocimene	502-99-8	-3.7	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57, Val10	—	Ser55, Lys56, Thr72, Arg73
烷类 Ethers	2-甲基二十烷 2-methylelcosane	1560-84-5	-3.9	Arg1, Ile32, Lys33, His108	_	Pro6, Leu11, Leu14, Lys15, Asp29, Tyr35, Phe117, Leu118
醇类 Alcohol	芳樟醇 Linalool	78-70-6	-5.2	Leu14, Leu51, Trp57, Leu118	Arg73, Glu108	Tyr5, Met77, Ile81, Phe84, His105, His115, Trp116, Phe117
	香叶醇 Geraniol	106-24-1	-4.8	Ile81, Phe117, Trp57, Leu14, Leu118, Leu51	Glu108	Phe108, Trp116, Met77, Arg73, His105
	反式-2-己烯-1-醇 Trans-2-hexen-1-ol	928-95-0	-4.0	_	Lys106	Ile37, Glu38, Asp39, Met48, Tyr102, His105, Ala109, Glu110, Trp116
	顺-3-己烯-1-醇 <i>cis</i> -3-hexen-1-ol	928-96-1	-4.0	Ile37, Tyr102, Lys106, Trp116	Tyr35	Lys36, Glu38, Asp39, Met48, His105, Ala109, Glu110
酮类 Ketone	2-十三烷酮 2-tridecanone	593-08-8	-4.8	Lys15	Arg73	Leu11, Leu14, His18, Tyr47, Leu51, Trp57, His105, Phe117, Leu118
醛类 Aldehydes	反式-2-己烯醛 ; <i>Trans</i> -2-hexenal	6728-26-3	-4.1	Lys106	Tyr102	Tyr35, Lys36, Met48, Glu38, Ile37, His105, Ala109, Glu110, Trp116
酯类 Ester	乙酸芳樟酯 Linalyl acetate	115-95-7	-5.1	Tyr35, Pro113, Trp116	Glu38	Arg1, Lys36, Ile37, Lys106, Ala109, Glu110
	乙酸香叶酯 Geranyl acetate	105-87-3	-5.1	Phe17, Trp57, Val10, Leu13, Leu14	—	Ser55, Thr72, Arg73

一表示未发现该种作用类型的氨基酸。-- indicates that no amino acids of this type of action has been found.

链状配体中α-罗勒烯、β-罗勒烯、月桂烯、乙酸 香叶酯、2-甲基二十烷以及别罗勒烯与AzanOBP3 仅通过疏水作用和范德华力结合。配体α-罗勒烯与 AzanOBP3的结合能力较其他链状配体更弱,其自 由结合能为-3.7 kJ/mol。α-罗勒烯的结合口袋位于 AzanOBP3结合腔的表面,同时所处的结合口袋较 浅,仅有小部分呈现疏水性(图7-C),从而导致其分子对接能力较弱。分析其所处结合位置(图7-D)发现,Trp57(5.06 Å)、Leu13(4.15 Å)、Val10(3.81 Å)、Leu14(4.45 Å)和Phe14(5.35 Å)这5个氨基酸是疏水作用的关键结合位点,氨基酸Lys56、Ser55、Thr72和Arg73是范德华力的结合位点(图6-B)。



图 6 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与芳樟醇(A)和α-罗勒烯(B)的二维结合模式 Fig. 6 Two-dimensional binding mode of AzanOBP3 interacted with linalool (A) and α-ocimene (B)



A和C:分别为AzanOBP3(螺旋模型)与芳樟醇和 α -罗勒烯(蓝色模型)结合的三维结构; B和D:分别为芳樟醇 和 α -罗勒烯同氨基酸发生氢键和疏水作用的详细结合模式。A and C: Three-dimensional structure of the combined model between AzanOBP3 (the spiral model) and linalool, α -ocimene (the blue model), respectively; B and D: detailed binding mode of linalool and α -ocimene with amino acids undergoing hydrogen and hydrophobic interaction.

图 7 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与芳樟醇(A~B)和α-罗勒烯(C~D)的三维结合模式 Fig. 7 Three-dimensional binding pattern of AzanOBP3 with linalool (A-B) and α-ocimene (C-D)

2.5.2 AzanOBP3与环状配体分子对接

与AzanOBP3结合的33种环状寄主挥发物属 于烯烃类、醇类、酮类、醛类、芳香烃类、醚类以及酯 类,其中烯烃类最多,为22种,环状配体的自由结合 能集中在-6.6~-4.6 kJ/mol之间(表2),其中乙酸松 油酯、β-石竹烯、葎草烯、3-蒈烯、荜澄茄油烯、右旋 大根香叶烯、β-榄香烯、乙酸叶醇酯、可巴烯和倍半 水芹烯这10种物质与AzanOBP3的结合能力较其他环状配体更强,总体上环状配体与AzanOBP3的自由结合能低于链状配体。环状配体中仅有乙酸松油酯、胡椒酮、萜品醇和4-侧柏醇与AzanOBP3结合时存在氢键作用,其他环状配体均以疏水作用和范德华力相结合。荜澄茄油烯与AzanOBP3结合最紧密,自由结合能为-6.6 kJ/mol。荜澄茄油烯结合口

袋位于 AzanOBP3 的 α1、α2 以及 C 末端形成的部 位,结合口袋并没有闭合而是贯通的,从而使其与 AzanOBP3 紧密结合(图 8-A)。荜澄茄油烯以氨基酸 Leu11(3.67 Å/4.36 Å/5.30 Å/5.44 Å)、Leu14(4.09 Å)、 Lys15(4.03 Å)、Ile32(5.40 Å)、Lys33(4.60 Å)和His108 (5.50 Å)与蛋白受体发生疏水作用,氨基酸 Tyr35、 Phe117和Leu118则在结合过程中以范德华力与蛋 白结合(图8-B和图9-A)。荜澄茄油烯与AzanOBP3 之间没有形成氢键,说明疏水作用和范德华力是受 体-配体结合过程中的主要作用力。

					-	
		物质数字	结合能	疏水作用	<i>岸 h</i> #	世在化上
04	气味挥友物	识别号码	Binding	Hydrophobic	氢键 Uudaaaa	泡德华力
Odd	or volatile compound	CAS no.	(kI/mol	interaction	Hydroge	n van der waals force
 烯烃	荜澄茄油烯	17699-14-8	-6.6	Leu11, Leu14, Lys15, His18	, —	Tyr35, Phe117, Leu118
Ulenni	α-cubebene 可巴烯	3856-25-5	-6.5	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57,	, —	Ser55, Thr72, Arg73
	α-copaene <i>ç</i> -依兰油烯	24268-39-1	-6.2	Vallo Lys36, Ile37, Tyr102, Lys106	, —	Tyr35, Glu38, Asp39, Glu110
	<i>ç-</i> muurolene β-石竹烯	87-44-5	-5.9	Ala109, Pro113 Leu11, Leu14, Lys15, His18	, —	Ile32, Tyr35, Leu118
	β-caryophyllene 右旋大根香叶烯 Gemmacrene D	37839-63-7	-5.9	Lys33, Phe117 Pro6, Leu11, Ile32, His108 Phe117	,	Arg1, Glu12, Lys15, Tyr35, Leu118
	葎草烯 g convorbullono	6753-98-6	-5.8	Leu11, Leu14, Lys15, Ile32, Lys33	, —	His18, Tyr47, Leu51, Leu118
	倍半水芹烯 R-sesquinhellandrene	20307-83-9	-5.6	Lys36, Ile37, Tyr102, Lys106, Ala109	, —	Tyr35, Glu38, Asp39, Glu110, Pro113
	3-蒈烯	13466-78-9	-5.6	Leu11, Leu14, Lys15, His18, Leu51	, —	Tyr47, Phe117, Leu118
	β-榄香烯	515-13-9	-5.5	Ile37, Tyr102, Lys106, Ala109, Pro113 Trp116	, —	Tyr35, Lys36, Glu38, Asp39, Glu110
	p-ciemene 4-蒈烯	5208-49-1	-5.3	Lys106, Trp116, Ala109, Lys36	—	Tyr35, Ile37, Glu38, His105, Glu110,
	4-carene α-侧柏烯	2867-05-2	-5.3	Phe17, Leu13, Leu14, Trp57,	, —	Ser55, Thr72
	(-)-α-thujone 萜品油烯	586-62-9	-5.3	Lys36, Ile37, Tyr102, Lys106	,	Tyr35, Glu38, Asp39, Glu110, Pro113
	β-蒎烯 β-pinene α-蒎烯	18172-67-3 7785-70-8	-5.3 -5.1	Leu13, Trp57, Val10 Leu13, Leu14, Trp57, Arg73,	, —	Ser55, Thr72, Arg73, Phe17, Leu14 Ser55, Thr72
	α-pinene α-水芹烯	99-83-2	-5.1	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57,	, —	Ser55, Thr72, Arg73
	β -水芹烯 β -phellandren 柠檬烯	e 555-10-2 5989-27-5	-5.1 -5.1	Leu11, Leu14, Lys15, Leu51 Leu13, Leu14, Trp57, Arg73, Val10	, <u> </u>	His18, Tyr47, Leu118, Phe117 Ser55, Thr72, Leu14
	a-萜品烯a-terpinene	99-86-5	-5.1	Tvr35, Lvs36, Ala109, Pro113		Arg1, Glu110, Trp116
	v-油松烯 v-terpinene	99-85-4	-5.0	Tyr35, Lys36, Ala109, Pro113		Arg1, Glu110, Trp116
	(<i>R</i>)-1-甲基-5-(1-甲 基乙烯基)环己烯 (<i>R</i>)-1-methyl-5-(1-me-	1461-27-4	-5.0	Lys36, Lys106, Ala109, Trp116	_	Tyr35, Ile37, Glu38, His105, Glu110
	thylvinyl)cyclo-nexene	70 02 5	-5.0	Laula Laula Dhala Tro57		Ser55 Thr72 Val10
	oym Campnene 桧烯 Sabinana	3387-41-5	-4.8	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57 Val10	,	Ser55, Thr72, Arg73
醇类 Alcohol	4-萜品醇	562-74-3	-5.2	Lys106, Ala109	—	Glu11, Tyr35, Tys36, Ile37, Glu38, His105 Pro113
	rerpinen-4-01 萜品醇 v-terpineol	586-81-2	-4.9	Lys36, Ala109	Tyr102, Glu38	Tyr35, Ile37, Asp39, Met48, His105,
	4-侧柏醇 4-thuianol	546-79-2	-5.2	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57, Val10	, Thr72	Ser55, Arg73

表2 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与环状配体分子对接 Table 2 Molecular docking of AzanOBP3 with cyclic ligand molecules

384

Odo	气味挥发物 r volatile compound	物质数字 识别号码 CAS no.	结合能 Binding energy/ (kJ/mol)	疏水作用 Hydrophobic interaction	氢键 Hydroger	范德华力 n van der Waals force
酮类	胡椒酮	89-81-6	-5.0	Leu11, Leu14, Lys15, Lys36	, His18	Ile32, Tyr35, Ile37, Tyr47, Lys106,
Ketone	Pipertone			Leu51, Ala109, Pro113		Glu110, Trp116, Phe117, Leu118
酯类	乙酸叶醇酯 cis-3-he-	42436-07-7	-5.9	Lys36, Lys106, Ala109,		Tyr35, Ile37, Glu38, Asp39, Tyr102,
Ester	xenyl phenylacetate			Pro113, Trp116,		His105, Glu110
	乙酸松油酯	80-26-2	-5.9	Lys36, Ala109, Pro113	Glu38	Tyr35, Ile37, Lys106, Glu110, Trp116
	Terpinyl acetate					
芳香烃	1,3-二乙基苯	141-93-5	-5.3	Ile37, Tyr102, Lys106, Ala109	, —	Tyr35, Lys36, Glu38, Asp39, Met48,
Aromatic	1,3-diethylbenzene			Trp116		His105, Glu110, Pro113
hydrocar-	1,4-二乙基苯	105-05-5	-5.3	Lys106, Ala109, Pro113,	—	Tyr35, Lys36, Ile37, Asp39, Glu38,
bon	1,4-diethylbenzene			Trp116		Met48, Tyr102, His105, Glu110
	乙苯	100-41-4	-4.8	Ala109, Trp116, Lys106	_	Tyr35, Lys36, Ile37, Glu38, Asp39,
	Ethylbenzene					Met48, Tyr102, His105, Glu110
	对二甲苯 <i>P</i> -xylene	106-42-3	-4.6	Ile37, Tyr102, Lys106, Ala109) —	Tyr35, Lys36, Glu38, Asp39, Glu110
醚类	按叶油醇	470-82-6	-5.2	Leu13, Leu14, Phe17, Trp57	, —	Ser55, Thr72, Arg73
Ethers	1,8-cineole			Val10		

一表示未发现该种作用类型的氨基酸。-- indicates that no amino acids of this type of action has been found.







A、C和E:分别为AzanOBP3(螺旋模型)与荜澄茄油烯、3-蒈烯和4-蒈烯(蓝色模型)结合的三维结构; B、D和F:分别为荜 澄茄油烯、3-蒈烯和4-蒈烯同氨基酸发生疏水作用的详细结合模式。A, C and E: Three-dimensional structure of the combined model between AzanOBP3 (the spiral model) and α -cubebene, 3-carene and 4-carene (the blue model), respectively; B, D and F: detailed binding mode of α -cubebene, 3-carene and 4-carene with amino acids undergoing and hydrophobic interaction.

图8 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与荜澄茄油烯(A~B)、3-蒈烯(C~D)和4-蒈烯(E~F)的三维结合模式 Fig. 8 Three dimensional binding pattern of AzanOBP3 with *a*-cubebene (A-B), 3-carene (C-D) and 4-carene (E-F) 环状配体中存在3对同分异构体,即3-蒈烯与 4-蒈烯、α-蒎烯与β-蒎烯和1,3-二乙基苯与1,4-二 乙基苯,其中本试验仅分析与AzanOBP3结合能力 最高的一组同分异构体3-蒈烯与4-蒈烯。3-蒈烯和 4-蒈烯与AzanOBP3的结合部位与荜澄茄油烯的结 合位点相似,位于蛋白受体C末端与α螺旋形成的空 腔中(图8-C、E),3-蒈烯的自由结合能为-5.6 kJ/mol, 略低于4-蒈烯的自由结合能-5.3 kJ/mol,说明3-蒈 烯与AzanOBP3结合更紧密。分析发现3-蒈烯以疏水 作用的结合氨基酸为Leu11(3.95 Å/5.05 Å/5.34 Å)、 Leu14(3.80 Å/4.26 Å/4.89 Å)、His18(4.94 Å)、Lys15 (4.59 Å/4.77 Å/5.38 Å)和Leu51(4.87 Å),以范德华 力结合的氨基酸为Leu118、Tyr47和Phe117(图8-D、 图9-B)。与3-蒈烯相比,4-蒈烯虽然参与结合的氨 基酸个数更多,但因多数氨基酸以范德华力进行结 合(图8-F、图9-C),所以总体的结合能力较3-蒈烯 弱,推测在受体-配体结合过程中疏水作用要略强 于范德华力。



图9 花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 与荜澄茄油烯(A)、3-蒈烯(B)和4-蒈烯(C)的二维结合模式 Fig. 9 Two-dimensional binding mode of AzanOBP3 interacted with *a*-cubebene (A), 3-carene (B) and 4-carene (C)

3 讨论

同源建模是迄今为止精度最高的一类结构预测 方法,相似的蛋白质序列往往拥有相似的三维结构, 大部分研究以PDB数据库中的解析结构为模板进 行蛋白三维结构预测(邓海游等,2016)。本研究采 用同源建模的方法以CquiOBP1(3ogn.1.A)为模板, 预测了花椒窄吉丁气味结合蛋白 AzanOBP3 的三维 结构,该结构中所含6个半胱氨酸直接形成3个保守 的二硫键,即α1螺旋中的Cys21和α3螺旋中的Cys50 连接,α3螺旋中的Cys46和α6螺旋中的Cys98连接 及 a5 螺旋中的 Cys88 和 a6 中螺旋的 Cys107 连接。 a1、a3、a4、a5和a6这5个螺旋构成了AzanOBP3的 接合腔,C末端延伸到螺旋形成的锥形空腔中,构成 结合腔的一部分。这与飞蝗 Lucosta migratoria 的 LmigOBP1、光肩星天牛 Anoplophora glabripennis 的 AglaOBP2(Jiang et al., 2009;赵新民等, 2019)等气 味结合蛋白的构象类似。

昆虫依赖其嗅觉感受系统对所处环境中的物质 进行探测和特异性识别,继而产生生理生化反应 (Field et al.,2000)。在识别气味分子发生生理反应 的过程中,气味结合蛋白最先与气味物质结合

(Krieger & Breer, 1999)。张婷等(2012)和Yu et al. (2018)发现气味结合蛋白可以同醇类、醛类、酯类、 萜烯类和酮类等多种化合物结合,本研究选取了46 种花椒窄吉丁寄主花椒的主要气味挥发物进行了分 子对接试验,发现其中仅有9种挥发物与AzanOBP3 以氢键结合,而其他37种物质均以疏水作用和范德 华力同AzanOBP3结合,这与冈比亚按蚊Anopheles gambiae的 AgamOBP1 与配体 PEG(Wogulis et al., 2006)以及致卷库蚊的CquiOBP1和配体MOP(Mao et al., 2010)的结合方式类似,因此推测花椒窄吉丁 AzanOBP3 与其寄主花椒气味挥发物之间的相互作 用力主要为范德华力和疏水作用。本研究中认为环 状配体的结合能力要强于链状配体,但郑志川 (2017)报道云斑天牛 Batocera horsfieldi的BhorOB-Pm2与长链配体的结合能力要强于环状配体,并且 其选择方式是基于配体碳链的长度。推测产生这种 差异的原因可能是本试验在同源建模时以模板蛋白 CquiOBP1的A链同源建模所致。Mao et al.(2010) 报道了CquiOBP1-MOP复合结构,结构中蛋白A链 和B链的空腔相对形成了一个狭长的结合部位将配 体MOP包裹在其中从而紧密结合,这也解释了环状 配体能在蛋白结合腔中形成较深的结合口袋、但是 结合腔并不能闭合贯通的现象。

植物在受到昆虫为害后会释放出能够调控植食 性昆虫行为的挥发性化合物,这些挥发性化合物影 响着昆虫对寄主选择的同时也形成了自我防御机制 (Dicke et al., 1990; Turlings et al., 1990)。袁丽芳 (2016)和王延来等(2020)曾通过触角电位试验以及 行为趋向反应证实了β-石竹烯、乙酸芳樟酯、芳樟醇 和可巴烯能引起花椒窄吉丁的行为反应,这与本试 验中发现乙酸芳樟酯、β-石竹烯、可巴烯和芳樟醇与 AzanOBP3具有较好的结合能力相符合,推测乙酸 芳樟酯、β-石竹烯、芳樟醇和可巴烯能引起花椒窄吉 丁的生理行为反应,可能是因为其与AzanOBP3进 行了结合,后续可通过荧光竞争结合试验进一步明 确AzanOBP3与寄主挥发物的结合情况。

通过同源建模方法对未解析的蛋白结构进行三 维结构模拟,以分子对接的方法直观地显示蛋白受 体和其配体间的结合模式,可以从大量物质中筛选 出与蛋白紧密结合的物质,继而再进行荧光竞争结 合试验,进一步判断气味结合蛋白和化合物的结合 能力。分子对接适用于气味结合蛋白的初步功能研 究以及配体筛选(郭冰等,2019),本研究通过分子对 接技术模拟了花椒窄吉丁 AzanOBP3 与其46 种寄 主挥发物的结合模式,结合本课题组前期研究结果 筛选出4种链状配体(乙酸芳樟酯、芳樟醇、乙酸香 叶酯和别罗勒烯)和10种环状配体(乙酸松油酯、 β-石竹烯、葎草烯、3-蒈烯、荜澄茄油烯、右旋大根香 叶烯、β-榄香烯、乙酸叶醇酯、可巴烯和倍半水芹烯) 与AzanOBP3能稳定结合,为之后研究花椒窄吉丁 气味结合蛋白功能奠定了基础。今后将继续对筛选 的物质进行荧光竞争结合试验,以进一步确定不同 气味挥发物与AzanOBP3之间的结合能力,为新型 绿色无公害高效引诱剂的配制提供参考依据。

参考文献 (References)

- Bowie JU, Lüthy R, Eisenberg D. 1991. A method to identify proteinsequences that fold into a known three-dimensional structure. Science, 253(5016): 164–170
- Colovos C, Yeates TO. 1993. Verification of protein structures: patterns of nonbonded atomic interactions. Protein Science, 2(9): 1511– 1519
- Dang XD, Chen XD, Wang MC, Li F, Li ML, Sun YM. 1988. A preliminary study of three important pests of *Zanthoxylum bungeanum*. Shaanxi Forest Science and Technology, (2): 57–62 (in Chinese) [党心德, 陈孝达, 王明春, 李锋, 李孟楼, 孙彦民. 1988. 花椒主 要害虫的初步研究. 陕西林业科技, (2): 57–62]

Deng HY, Jia Y, Zhang Y. 2016. Protein structure prediction. Acta

Physica Sinica, 65(17): 178170 (in Chinese) [邓海游, 贾亚, 张阳. 2016. 蛋白质结构预测. 物理学报, 65(17): 178170]

- Dicke M, Sabelis MW, Takabayashi J, Bruin J, Posthumus MA. 1990. Plant strategies of manipulating predatorprey interactions through allelochemicals: prospects for application in pest control. Journal of Chemical Ecology, 16(11): 3091–3118
- Field LM, Pickett JA, Wadhams LJ. 2000. Molecular studies in insect olfaction. Insect Molecular Biology, 9(6): 545–551
- Krieger J, Breer H. 1999. Olfactory reception in invertebrates. Science, 286(5440): 720–723
- Gong XF, Yang P, Wang YL, Guo L, Chen D, Xie SA, Lü SJ. 2020. Cloning, prokaryotic expression and tissue expression profiling of odorant binding protein gene *AzanOBP3* from *Agrilus zanthoxylumi* (Coleoptera: Buprestidae). Acta Entomologica Sinica, 63(4): 390–400 (in Chinese) [巩雪芳, 杨平, 王延来, 郭莉, 陈 迪, 谢寿安, 吕淑杰. 2020. 花椒窄吉丁气味结合蛋白基因 *AzanOBP3* 的克隆、原核表达及组织表达谱分析. 昆虫学报, 63 (4): 390–400]
- Guo B, Hao EH, Wang JZ, Lu PF, Qiao HL. 2019. Molecular docking of odorant binding proteins and its related semiochemicals of sirex woodwasp *Sirex noctilio*, an invasive insect pest. Journal of Plant Protection, 46(5): 1004–1017 (in Chinese) [郭冰, 郝恩华, 王菁桢, 陆鹏飞, 乔海莉. 2019. 入侵害虫松树蜂气味结合蛋白 与其相关信息化学物质的分子对接. 植物保护学报, 46(5): 1004–1017]
- He XL, Tzotzos G, Woodcock C, Pickett JA, Hooper T, Field LM, Zhou JJ. 2010. Binding of the general odorant binding protein of *Bombyx mori* BmorGOBP2 to the moth sex pheromone components. Journal of Chemical Ecology, 36(12): 1293–1305
- Jiang QY, Wang WX, Zhang ZD, Zhang L. 2009. Binding specificity of locust odorant binding protein and its key binding site for initial recognition of alcohols. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 39(7): 440–447
- Laskowski RA, Rullmannn JA, MacArthur MW, Kaptein R, Thornton JM. 1996. AQUA and PROCHECK-NMR: programs for checking the quality of protein structures solved by NMR. Journal of Biomolecular NMR, 8(4): 477–486
- Li DZ, Huang XF, Yang RN, Chen JY, Wang MQ. 2020. Functional analysis of two odorant-binding proteins, MaltOBP9 and MaltOBP10, in *Monochamus alternatus* Hope. Frontiers in Physiology, 11: 317
- Li DZ, Yu GQ, Yi SC, Zhang YN, Kong DX, Wang MQ. 2015. Structure-based analysis of the ligand-binding mechanism for DhelOBP21, a C-minus odorant binding protein, from *Dastarcus helophoroides* (Fairmaire; Coleoptera: Bothrideridae). International Journal of Biological Sciences, 11(11): 1281–1295
- Li M, Guo MQ, Xiang WF, Yang YX, Wang YH, Zhu GP, Pan LN. 2019. Research progress in molecular docking in insect chemosense. Plant Protection, 45(5): 121-127 (in Chinese) [李敏, 郭美 琪, 相伟芳, 杨艺新, 王永辉, 朱耿平, 潘丽娜. 2019. 分子对接 技术在昆虫化学感受研究中的应用进展. 植物保护, 45(5): 121-127]

- Liu SP, Xie SA, Yuan LF, Cheng HG. 2016. Effect of *Agrilus zanthoxy-lumi* infection on the volatile constituents of *Zanthoxylum bun-geanum*. Journal of Northwest Forestry University, 31(5): 246–254 (in Chinese) [刘绥鹏, 谢寿安, 袁丽芳, 成宏刚. 2016. 花椒 窄吉丁的入侵对花椒挥发物成分的影响. 西北林学院学报, 31 (5): 246–254]
- Mao Y, Xu XZ, Xu W, Ishida Y, Leal WS, Ames JB, Clardy J, Meinwald J. 2010. Crystal and solution structures of an odorant-binding protein from the southern house mosquito complexed with an oviposition pheromone. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 107(44): 19102– 19107
- Qu SX, Ma L, Li HP, Song JD, Hong XY. 2016. Chemosensory proteins involved in host recognition in the stored-food mite *Tyroph*agus putrescentiae. Pest Management Science, 72(8): 1508–1516
- Turlings TCJ, Tumlinson JH, Lewis WJ. 1990. Exploitation of herbivore-induced plant odors by host-seeking parasitic wasps. Science, 250(4985): 1251–1253
- Vogt RG, Riddiford LM. 1981. Pheromone binding and inactivation by moth antennae. Nature, 293(5828): 161–163
- Wang YL, Xie SA, Lai Q, Gong XF, Yang P, Lü SJ, Li D. 2020. Electroantennogram and behavioral responses of *Agrilus zanthoxylumi* to volatiles from *Zanthoxylum bungeanum*. Journal of Northwest Forestry University, 35(1): 150–157 (in Chinese) [王延来, 谢寿安, 赖青, 巩雪芳, 杨平, 吕淑杰, 李冬. 2020. 花椒窄吉丁 对寄主果实挥发物的触角电位及行为反应. 西北林学院学报, 35(1): 150–157]
- Wogulis M, Morgan T, Ishida Y, Leal WS, Wilson DK. 2005. The crystal structure of an odorant binding protein from *Anopheles gambiae*: evidence for a common ligand release mechanism. Biochemical and Biophysical Research Communications, 339(1): 157–164
- Yan W, Luo YQ, Li CX, Liu L, Qin WQ, Peng ZQ. 2017. Modeling the odorant binding protein of the red palm weevil, *Rhynchophorus ferrugineus*. Chinese Journal of Applied Entomology, 54(6): 909–914 (in Chinese) [阎伟, 骆有庆, 李朝绪, 刘丽, 覃伟权, 彭正强. 2017. 锈色棕榈象气味结合蛋白的同源建模. 应用昆虫 学报, 54(6): 909–914]
- Yang P, Gong XF, Chen D, Guo L, Wang YL, Lü SJ, Xie SA. 2020. cD-NA cloning and prokaryotic expression of chemosensory protein AzanCSP3 from the A. zanthoxylumi. Journal of Agricultural

Biotechnology, 28(2): 302-312 (in Chinese) [杨平, 巩雪芳, 陈 迪, 郭莉, 王延来, 吕淑杰, 谢寿安. 2020. 花椒窄吉丁化学感受 蛋白 AzanCSP3 的 cDNA 克隆及原核表达. 农业生物技术学 报, 28(2): 302-312]

- Yu GQ, Li DZ, Lu YL, Wang YQ, Kong DX, Wang MQ. 2018. Deciphering the odorant binding, activation, and discrimination mechanism of Dhelobp21 from *Dastarus helophoroides*. Scientific Reports, 8(1): 13506
- Yuan LF. 2016. The preliminary study on mechanism of odor perception of Agrilus zanthoxylumi to volatiles from Zanthoxylum bungeanum. Master thesis. Yangling: Northwest A&F University (in Chinese) [袁丽芳. 2016. 花椒窄吉丁对寄主挥发物化学感受 机制的初步研究. 硕士学位论文. 杨凌: 西北农林科技大学]
- Zhang T, Liu NY, Dong SL. 2012. cDNA cloning, tissue distribution and ligand binding characteristics of antennal binding protein 2 from the beet army worm, *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae). Acta Entomologica Sinica, 55(5): 499–509 (in Chinese) [张婷, 刘乃勇, 董双林. 2012. 甜菜夜蛾触角结合蛋白II的 cD-NA 克隆、组织分布及配体结合特性分析. 昆虫学报, 55(5): 499–509]
- Zhang W. 2009. Natural enemies of Agrilus zanthoxylumi. Master thesis. Yangling: Northwest A&F University (in Chinese) [张伟. 2009. 花椒窄吉丁天敌研究. 硕士学位论文. 杨凌: 西北农林 科技大学]
- Zhang Y, Yang B, Wang GR. 2019. Research progress of soluble proteins on chemosensationin insects. Journal of Environmental Entomology, 41(2): 229–240 (in Chinese) [张玉, 杨斌, 王桂荣. 2019. 昆虫嗅觉相关可溶性蛋白的研究进展. 环境昆虫学报, 41(2): 229–240]
- Zhao XM, Li TT, Pen XY, Liu SQ. 2019. Homology modeling of the odorant binding protein AglaOBP12 of *Anoplophora glabripennis* and its molecular docking to the host plant volatile *cis*-3-hexenyl acetate. Chinese Journal of Applied Entomology, 56(2): 290–297 (in Chinese) [赵新民, 李滔滔, 彭晓赟, 刘石泉. 2019. 光肩星天牛气味结合蛋白 AglaOBP12 同源建模及与乙酸-顺-3-己烯酯的分子对接研究. 应用昆虫学报, 56(2): 290–297]
- Zheng ZC. 2017. The binding and releasing mechanism between Minus-C OBPs from *Batocera horsfieldi* (Hope) and ligands. Master thesis. Wuhan: Huazhong Agricultural University (in Chinese) [郑志川. 2017. 云斑天牛 Minus-C OBPs 与配基的结合与 释放机制. 硕士学位论文. 武汉: 华中农业大学]
- Zhuang XJ, Wang Q, Wang B, Zhong T, Cao Y, Li KB, Yin J. 2014. Prediction of the key binding site of odorant-binding protein of *Holotrichia oblita* Faldermann (Coleoptera: Scarabaeida). Insect Molecular Biology, 23(3): 381–390

(责任编辑:李美娟)

学报,5(1):34-38]