

大卫绢蛱蝶线粒体基因组全序列测定和分析

夏靖, 胡静, 朱国萍, 朱朝东, 郝家胜

Sequencing and analysis of the complete mitochondrial genome of *Calinaga davidis* Oberthür (Lepidoptera: Nymphalidae)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: [PDF \(3234 KB\)](#) [HTML \(1 KB\)](#) 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) [背景资料](#)

摘要 目前有关蝶类线粒体基因组全序列及其分子进化的研究报道还不多见。本文利用long PCR和引物步移法得到大卫绢蛱蝶 *Calinaga davidis* 的线粒体基因组全序列, 同时就其基因组组成和结构特点作了初步分析。结果显示: 其基因组全长为15 267 bp (GenBank登录号为HQ658143), 包括13个蛋白质编码基因(ATP6, ATP8, COI-III, ND1-6, ND4L, Cytb)、22个tRNA基因、2个rRNA基因(16S和12S)以及非编码的控制区。与其他鳞翅目昆虫相一致, 其基因组未出现基因重排现象。基因组共包含11个基因间隔区, 总长度为130 bp, 间隔长度1~46 bp, 最大间隔在tRNA^{Gln}与ND2基因之间; 基因间共存在13处重叠, 总长度为66 bp, 重叠碱基数1~35 bp, 最长的重叠区位于COII与tRNA^{Lys}基因。IrRNA和srRNA基因长度分别为1 337 bp和773 bp; 除tRNA^{Ser}(AGN)缺少二氢尿嘧啶臂(DHU stem), 在相应的位置上只形成一个简单环外, 其余的tRNA基因都能形成典型的三叶草结构。13个蛋白编码基因总长度为11 247 bp, 共有3 737个密码子, 它们的碱基组成和密码子的使用具有明显的偏倚性; 除COI外(起始密码子TTG), 其余的12个蛋白质编码基因都以标准的ATN作为起始密码子; COI基因终止密码子为不完全T, ND4基因终止密码子为不完全TA, 其余基因都以TAA为终止密码子。A+T丰富区全长为389 bp, A+T含量高达92.0%, 其中存在2段类似微卫星的重复序列(TA)₆和(AAT)₄。本文的研究结果为探讨绢蛱蝶亚科在蛱蝶科中的系统学地位及其与其他亚科间的系统发生关系等问题提供了重要的分子生物学数据。

关键词: 鳞翅目; 大卫绢蛱蝶; 线粒体基因组; tRNA 二级结构; 串联重复序列

Abstract: Up to now, the reports about the complete mitochondrial genome of butterflies and their corresponding molecular evolutions are still limited. In this paper, the complete mitochondrial genome (mitogenome) of *Calinaga davidis* was sequenced and analyzed using the long PCR and the conserved primer walking technology. The results showed that the entire mitochondrial genome sequence was 15 267 bp long (GenBank accession no. HQ658143), containing 13 protein-coding genes (ATP6, ATP8, COI-III, ND1-6, ND4L and Cytb), 22 transfer RNA genes, 2 ribosomal RNA genes (IrRNA and srRNA) and a putative control region (D-loop). All the 37 genes are arranged in the same orientations as those of other lepidopteran species determined; and there are 11 intergenic spacer sequences totalling 130 bp (1 bp to 46 bp for each sequence) and 13 overlapping sequences totalling 66 bp (1 bp to 35 bp for each sequence), interspersed throughout the genome, and the largest (46 bp) spacer region and overlapping region are located between the tRNA^{Gln} and ND2, and between COII and tRNA^{Lys} genes, respectively. The large and small rRNA genes are 1 337 bp and 773 bp in size, respectively. All the tRNA genes have typical leaf clover secondary structures, except for the tRNA^{Ser}(AGN), whose DHU arm forms a simple loop. The 13 protein-coding genes are 11 247 bp in length with corresponding 3 737 codons, their base compositions have a relatively higher AT bias and their codon usages are also predominantly A+T-rich. All the protein coding genes (PCGs) use standard initiation codons ATN, except for the COI gene, which uses TTG as its starting codon, and all the PCGs use common stop codon (TAA), except for the COI and ND4 genes, which terminate into a single T and TA, respectively. The A+T-rich region is 389 bp in length with the AT content up to 92.0%, and this region contains two microsatellite-like repeating sequences (TA)₆ and (AAT)₄. The results of this study provide some important molecular data to clarify the systematical status of Calinaginae, as well as its phylogenetic relationship with other nymphalid subfamilies.

Key words: Lepidoptera *Calinaga davidis* mitochondrial genome tRNA secondary structure tandemly repeated sequences

收稿日期: 2010-12-07; 出版日期: 2011-05-20

服务

- 把本文推荐给朋友
- 加入我的书架
- 加入引用管理器
- E-mail Alert
- RSS

作者相关文章

- 夏靖
- 胡静
- 朱国萍
- 朱朝东
- 郝家胜

基金资助:

安徽省高校省级自然科学研究重点项目(KJ2010A142); 安徽省优秀青年科技基金(08040106811); 安徽省“重要生物资源保护与利用”重点实验室及中青年学术与技术带头人专项基金(590620); 北京市自然科学基金重点项目(6081002)

通讯作者: 朱朝东, 郝家胜 E-mail: jshaonigpas@sina.com; zhucd@ioz.ac.cn

作者简介: 夏靖, 男, 1985年10月生, 硕士研究生, 主要从事分子系统学研究, E-mail: xiajingsjlp2005@yahoo.com.cn

引用本文:

夏靖, 胡静, 朱国萍等. 大卫绢蚬蝶线粒体基因组全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 555-565.

XIA Jing, HU Jing, ZHU Guo-Ping et al. Sequencing and analysis of the complete mitochondrial genome of *Calinaga davidis* Oberthür (Lepidoptera: Nymphalidae)[J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2011, 54(5): 555-565.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2011/V54/I5/555>

没有本文参考文献

- [1] 李立, 虞国跃, Tom J. MCAVOY, Richard C. REARDON, 吴云, Scott M. SALOM, 和景福. 斑翅肩花蜻生物学特性、生境及食性选择[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 800-808.
- [2] 王建华, 骆有庆, 宗世祥. 沙蒿木蠹蛾生物学特性研究[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 809-814.
- [3] Anirban BASU MAJUMDER, Sunil Kumar PATHAK, Tapan Kumar HATH. 黄钩尺蛾在四个茶树无性系品种上的生长和存活(英文)[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 815-819.
- [4] 曾慧花, 郑哲民. 中国驼背蚱属的分类研究及二新种记述(直翅目: 枝背蚱科)(英文)[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 843-847.
- [5] 张天涛, 邹朗云, 李科明, 冯纪年, 张永军, 郭予元. 棉铃虫化学感受蛋白HarmCSP6二聚体的组织表达分析及气味结合特征[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 615-622.
- [6] 宋磊, 陈劲春. 金特异性结合短肽介导的重组杆状病毒与胶体金构成的纳米复合物[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 675-679.
- [7] 封传红, 单绪南, 郭聪, 罗林明. 1961-2005年西藏飞蝗潜在分布的变化[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 694-700.
- [8] Rajesh KUMAR, Girin RAJKHOWA, Mattipalli SANKAR, Rama Krishnan RAJAN. 印度小圆胸小蠹的一种新寄主植物(英文)[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 734-738.
- [9] 申建梅, 胡黎明, 宾淑英, 林进添. 桔小实蝇肌球蛋白轻链2基因的克隆及表达分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 508-514.
- [10] 张丽丽, 郭兴荣, 冯启理, 郑思春. 昆虫固醇转运蛋白的结构与功能[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 457-466.
- [11] 苗进, 武予清, 郁振兴, 陈华爽, 刘顺通, 蒋月丽, 段云. 麦红吸浆虫随气流远距离扩散的轨迹分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 432-436.
- [12] 姚士桐, 吴降星, 郑永利, 金周浩, 陆志杰, 胡加君, 杜永均. 稻纵卷叶螟性信息素在其种群监测上的应用[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 490-494.
- [13] 王东, 李兵, 林超, 陈玉华, 许雅香, 沈卫德. 家蚕细胞色素P450基因CYP6AE21的克隆、表达分析及亚细胞定位[J]. 昆虫学报, 2011, 1(1): 1-.

版权所有 © 2010 《昆虫学报》编辑部

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院5号中国科学院动物研究所 邮编: 100101

电话: 010-64807173 传真: 010-64807099 E-mail: kcxb@ioz.ac.cn 网址: <http://www.insect.org.cn>

本系统由北京玛格泰克科技发展有限公司设计开发 技术支持: support@magtech.com.cn

京ICP备05064604号