

线粒体假基因用作分子化石推算两个榕小蜂姐妹种的分化时间 (英文)

娄文静^{1, 2}, 滕文佳^{1, 2}, 刘海洋^{1, 2}, 李子², 肖金花², 魏重远², 黄大卫^{1, 2, *}

(1. 河北大学生命科学学院, 河北保定071002; 2. 中国科学院动物研究所, 中国科学院动物进化与系统学重点实验室, 北京100101)

Nuclear mitochondrial pseudogenes used as ‘fossil’ markers to trace back the speciation time of two sibling fig wasp species (*In English*)

LOU Wen-Jing^{1, 2}, TENG Wen-Jia^{1, 2}, LIU Hai-Yang^{1, 2}, LI Zi², XIAO Jin-Hua², WEI Zhong-Yuan², HUANG Da-Wei^{1, 2, *}

(1. College of Life Sciences, Hebei University, Baoding, Hebei 071002, China; 2. Key Laboratory of Zoological Systematics and Evolution, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: [PDF \(4784 KB\)](#) [HTML \(1 KB\)](#) 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) [背景资料](#)

摘要 线粒体假基因(nuclear mitochondrial pseudogenes, NUMTs)是指由生物体的线粒体基因组转移至核基因组内的DNA片段。由于其独立进化的特点, NUMTs在用于系统发育分析时是一把双刃剑。我们用基于PCR扩增的方法研究了对叶榕*Ficus hispida*上两姐妹种榕小蜂*Philotrypesis pilosa*和*Philotrypesis* sp.中起源于线粒体Nad1 12S片段的NUMTs。该两姐妹种榕小蜂由同域物种形成过程产生, 它们生活在同一生态环境里(即同一榕果内), 因此可以用作很好的模型来研究在相同生态环境里物种的行为学及遗传学细微差异的进化。这些深入研究都依赖于对两个物种分化时间的正确估算。通过对所获取的NUMTs进行进化分析, 我们发现: 1) 这些NUMTs都是最近引入核基因组事件; 2) NUMTs引入事件发生在物种分化之前。由于这些NUMTs引入核内时间尚短, 其碱基替换速率与线粒体基因相似, 而节肢动物线粒体基因的平均碱基替换速率约为 2.3×10^{-8} 替换/位点·年。根据这些进化历史特征可帮助我们将这两个姐妹种榕小蜂的分化时间追溯至0.40-0.48百万年以前。结果提示, 一些线粒体假基因可以很好的用作分子化石来推断一些重要进化事件如物种形成。

关键词: 榕小蜂 线粒体DNA 线粒体假基因 净化选择 物种分化时间 分子化石

Abstract: Nuclear mitochondrial pseudogenes (NUMTs) are DNA fragments transferred from mitochondria to the nucleus. They are a double-edged sword for phylogenetic analyses because of their independent evolutionary histories. Herein, we employed a targeted, PCR-based procedure to study NUMTs originated from a *Nad1-12S* fragment in two sibling fig wasps associated with *Ficus hispida*: *Philotrypesis pilosa* and *Philotrypesis* sp. These sibling fig wasps arising from sympatric speciation live in the same syconium, which makes them good models to investigate subtle behavioral and genetic divergences in similar ecological niches. Further investigation relies on a correct estimate of the separation time of both species. Through the analysis based on the acquired NUMTs, we found that the origin of the NUMTs in both species appears to be a very recent event; however they may arise in the common ancestor of both species. Since the NUMTs integration is a recent event, we assumed that these newly produced NUMTs evolve similarly to genuine mtDNA. Then we calculated the genetic divergence timing based on mitochondrial genes, an average substitution rate of about 2.3×10^{-8} substitutions/site/year. These typical characters make them good ‘fossil’ markers to trace back the speciation time of both species back to 0.40-0.48 mya. The results suggest that some NUMTs are good ‘fossil’ markers for tracing back important evolutionary events including speciation.

Key words: Fig wasp nuclear mitochondrial pseudogene (NUMT) purifying selection mitochondrial DNA speciation timing ‘fossil’ marker

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

- ▶ 娄文静
- ▶ 滕文佳
- ▶ 刘海洋
- ▶ 李
- ▶ 子
- ▶ 肖金花
- ▶ 魏重远
- ▶ 黄大卫

引用本文:

娄文静, 滕文佳, 刘海洋等. 线粒体假基因用作分子化石推算两个榕小蜂姐妹种的分化时间 (英文) [J]. 昆虫学报, 2013, 56(5): 548-553.

LOU Wen-Jing, Teng-Wen-Jia, Liu-Hai-Yang et al. Nuclear mitochondrial pseudogenes used as ‘fossil’ markers to trace back the speciation time of two sibling fig wasp species (*In English*) [J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2013, 56(5): 548-553.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2013/V56/I5/548>

- [1] 刘慎思, 张桂芬, 武强, 张爱兵, 王进军, 万方浩. 桔小实蝇幼体及成虫残体DNA条形码识别技术的建立与应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55(3): 336-343.
- [2] 赵江波, 彭艳琼, 杨大荣. 环纹榕传粉榕小蜂的传粉模式[J]. 昆虫学报, 2012, 55(2): 183-188.
- [3] 李宗波, 杨培, 彭艳琼, 杨大荣. 木瓜榕传粉榕小蜂雌蜂触角传感器的分布和超微形态[J]. 昆虫学报, 2012, 55(11): 1272-1281.
- [4] 窦磊, 周美娇, 胡好远, 牛黎明, 黄大卫. 延腹小蜂属榕小蜂对榕果果内空腔大小差异的行为和形态适应[J]. 昆虫学报, 2011, 54(2): 253-258.
- [5] 魏晓棠, 肖海军, 白桦, 张京萱, 厉艳, 王英超, 薛芳森. 大猿叶虫四地理种群的PCR-RFLP方法鉴别及遗传多样性分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(2): 209-215.
- [6] 杨曼尼, 马雅. 基于mtDNA-COI基因序列的雷氏按蚊分子群体遗传结构研究[J]. 昆虫学报, 2009, 52(9): 1000-1007.
- [7] 王妮娜, 肖金花, 吕彬, 游中华, 黄大卫. Or83b-like基因内含子2个体内及个体间长度杂合现象揭示了*Philotrypesis* sp.的进化不稳定性[J]. 昆虫学报, 2008, 51(9): 960-966.
- [8] 刘英, 万东光, 孙铮, 肖金花, 黄大卫. 佩妃延腹小蜂属榕小蜂CYP6家族进化分析[J]. 昆虫学报, 2008, 51(8): 849-854.
- [9] 王乃馨, 封霞, 蒋国芳, 方宁, 轩文娟. 基于线粒体基因Cytb和COI的蝗科中五亚科分子系统发育关系分析(直翅目: 蝗总科)[J]. 昆虫学报, 2008, 51(11): 1187-1195.
- [10] 游中华, 路虹, 张宪省, 冯纪年, 石宝才, 宫亚军, 黄大卫. 入侵害虫西花蓟马及其他8种常见蓟马的分子鉴定[J]. 昆虫学报, 2007, 50(7): 720-726.
- [11] 陈振鹏, 周善义*. 切叶蚁亚科七属十二种的分子系统学研究[J]. 昆虫学报, 2007, 50(4): 395-404.
- [12] 石章红, 杨大荣*, 彭艳琼. 歪叶榕非传粉小蜂的繁殖策略及其对榕-蜂共生系统的影响[J]. 昆虫学报, 2006, 49(4): 650-655.
- [13] 蔡继峰¹, 刘敏¹, 应斌武¹, 邓仁丽², 董建国³, 张林¹, 陶涛¹, 潘洪富¹, 闫红涛¹, 廖志钢¹. mtDNA中CO I 分子标记在常见食尸性蝇类鉴定中的应用[J]. 昆虫学报, 2005, 48(3): 380-385.
- [14] 朱振华^{1,2}, 叶辉^{1*}, 张智英¹. 基于mtDNA Cytb 的六种果实蝇的分子鉴定[J]. 昆虫学报, 2005, 48(3): 386-390.
- [15] 蔡继峰¹, 刘敏¹, 应斌武¹, 董建国², 邓振华¹, 陶涛¹, 潘洪富¹, 张红霞¹, 闫红涛¹, 廖志钢^{1*}. 成都地区四种食尸性蝇类 mtDNA中 CO I 基因序列检测[J]. 昆虫学报, 2005, 48(1): 101-106.

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-14