

丝带凤蝶线粒体基因组全序列及其系统学意义(英文)

季刘伟, 郝家胜, 王莹, 黄敦元, 赵金良, 朱朝东

The complete mitochondrial genome of the dragon swallowtail, *Sericinus montela* Gray (Lepidoptera: Papilionidae) and its phylogenetic implication (In English)

Ji Liu-Wei, HAO Jia-Sheng, WANG Ying, HUANG Dun-Yuan, ZHAO Jin-Liang, ZHU Chao-Dong

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (9874 KB) HTML (1 KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

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

- ▶ 季刘伟
- ▶ 郝家胜
- ▶ 王莹
- ▶ 黄敦元
- ▶ 赵金良
- ▶ 朱朝东

摘要 锯凤蝶类与凤蝶科其他类群的系统发生关系及其分类学地位一直存在争议。本研究采用PCR和long PCR技术测定了属于锯凤蝶类的丝带凤蝶*Sericinus montelus*线粒体基因组全序列; 结合已有的其他凤蝶科物种的相应序列数据, 基于13个蛋白质编码基因重建了凤蝶科主要类群的系统发生树, 探讨了它们之间的系统发生关系。基因组分析结果表明: 丝带凤蝶线粒体基因组全长15 242 bp, 包括13个编码蛋白基因(ATP6, ATP8, CO I-III, ND1-6, ND4L和Cytb)、22个tRNA基因、16S和12S rRNA基因以及非编码的控制区; 基因组A, T, G和C含量分别为40.1%, 40.8%, 7.4%和11.7%, 表现出明显的AT偏倚。所有的蛋白质编码基因都使用标准的起始密码子(ATN); 除ND4和ND4L基因使用单个的T作为终止密码子外, 其余蛋白编码基因都使用了标准的终止密码子(TAA)。除丝氨酸 tRNA的二氢尿苷突环缺失外, 所有tRNA基因都形成典型的三叶草型结构。基因组中共存在12个大小介于2~65 bp之间的基因间隔区以及15个大小介于1~8 bp之间的基因重叠区, 其中, 存在于CO II和tRNA^{Lys}之间的24 bp的间隔区在其他鳞翅目昆虫中未曾见到。以邻接法和最大简约法并基于13个蛋白质编码基因序列对凤蝶科进行了系统发生分析。结果显示, 丝带凤蝶和中华虎凤蝶*Luehdorfia chinensis*先构成一个支系, 再和冰清绢蝶*Parnassius bremeri*构成姊妹群; 表明锯凤蝶类应作为族级分类单元归于凤蝶科下的绢蝶亚科。

关键词: 鳞翅目 凤蝶科 丝带凤蝶 线粒体基因组 系统发育分析

Abstract: The phylogenetic relationship between the zerynthiids and the other groups of Papilionidae has long been a controversial issue. In this study, the complete nucleotide sequences of the mitochondrial genome (mitogenome) of *Sericinus montela* belonging to the zerynthiids was determined using long PCR and conserved primer walking approaches. Meanwhile, the phylogenetic analysis of this species with other representative papilionid species was conducted to clarify their phylogenetic relationships on the mitogenomic level. The results showed that the entire mitochondrial DNA (mtDNA) molecule is 15 242 bp in length with the content of A, T, G and C of 40.1%, 40.8%, 7.4% and 11.7%, respectively, and its nucleotide composition of the genome is highly A+T biased (80.8%); all the 13 protein coding genes (PCGs) use standard initiation codons ATN, and all the PCGs use common stop codon (TAA), except for the ND4 and ND4L genes, which terminate with a single T; all tRNA genes form a typical clover-leaf secondary structure, except for the tRNA^{Ser} (AGN), whose DHU arm forms a simple loop; there are twelve intergenic spacer regions ranging from 2 to 65 bp in size, and fifteen overlaps ranging from 1 to 8 bp in size in the mitogenome sequence. The neighbor joining and maximum parsimony phylogenetic analyses based on the 13 PCG sequences showed that *Sericinus montela* and *Luehdorfia chinensis* form a clade that is sister to the *Parnassius bremeri*, suggesting that they should be designated as a taxon of tribal level within the subfamily Parnassiinae in the family of Papilionidae.

Key words: Lepidoptera Papilionidae; *Sericinus montela* mitochondrial genome phylogenetic analysis

收稿日期: 2011-04-29; 接受日期: 2011-10-23

基金资助:

国家自然科学基金项目(41172004); 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); 中国科学院动物研究所动物进化与系统学院级重点实验室专项基金(0529YX5105)

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

引用本文:

季刘伟, 郝家胜, 王莹等. 丝带凤蝶线粒体基因组全序列及其系统学意义(英文)[J]. 昆虫学报, 2012, 55(1): 91-100.

Ji Liu-Wei, HAO Jia-Sheng, WANG Ying et al. The complete mitochondrial genome of the dragon swallowtail, *Sericinus montela* Gray (Lepidoptera: Papilionidae) and its phylogenetic implication (In English) [J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2012, 55(1): 91-100.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2012/V55/I1/91>

没有本文参考文献

- [1] 杨聪慧, 韩辉林, 迟美妍, 金倩, 武春生, 朱朝东, 张爱兵. DNA条形码技术在北京百花山地区夜蛾科物种鉴定中的应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55(9): 1082-1092.
- [2] 郑凯迪, 杜永均. 蛾类昆虫性信息素受体及其作用机理[J]. 昆虫学报, 2012, 55(9): 1093-1102.
- [3] 周岩岩, 董胜张, 白旭, 俞晓平. 三种稻飞虱体内类酵母共生菌18S rDNA和 ITS 5.8S rDNA序列克隆及进化分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(4): 482-487.
- [4] 袁明龙, 王进军. 蝉蟊线粒体基因组研究进展[J]. 昆虫学报, 2012, 55(4): 472-481.
- [5] 李国宏, 尚娜, 魏建荣. 萧松茎象线粒体基因组全序列测定与分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(11): 1306-1314.
- [6] 迟美妍, 韩辉林, 高强, 杨聪慧, 金倩, 李俊, 陈付强, 武春生, 张爱兵. 以雾灵山夜蛾科为材料评估进化模型对 DNA条码分类的影响[J]. 昆虫学报, 2012, 55(10): 1193-1204.
- [7] 周志军, 尚娜, 黄原, 石福明, 韦仕珍. 斑翅草螽线粒体基因组序列测定与分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 548-554.
- [8] 夏靖, 胡静, 朱国萍, 朱朝东, 郝家胜. 大卫绢蛾线粒体基因组全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 555-565.
- [9] 柴换娜, 杜予州, 吴海燕. 稻纵卷叶螟感染 *Wolbachia* 的 *ftsZ* 基因和 16S rDNA 基因的序列分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 416-424.
- [10] 秦峰, 付文博, 周善义. 基于 CO I 和 Cyt b 基因序列的凤蝶科六属分子系统学研究[J]. 昆虫学报, 2011, 54(3): 339-351.
- [11] 许红恩, 韩民锦, 张化浩, 沈以红, 向仲怀, 张泽. 家蚕 LTR 逆转录转座子的鉴定、分类及系统发育分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(11): 1211-1222.
- [12] 黄原, 刘念, 卢慧莹. 直翅目昆虫线粒体基因组研究进展[J]. 昆虫学报, 2010, 53(5): 581-586.
- [13] 毛增辉, 郝家胜, 朱国萍, 胡静, 司曼曼, 朱朝东. 菜粉蝶线粒体基因组的全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(11): 1295-1304.
- [14] 竺乐庆, 张真, 张培毅. 基于颜色直方图及双树复小波变换 (DTCWT) 的昆虫图像识别[J]. 昆虫学报, 2010, 53(1): 91-97.
- [15] 武春生, 方承莱. 中国球须刺蛾属分类研究 (鳞翅目: 刺蛾科) [J]. 昆虫学报, 2009, 52(6): 684-690.

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