**项目公示信息**

**一、项目名称：**直翅目昆虫和鸟类的线粒体基因组研究

**二、主要完成人情况**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 姓名 | 排名 | 行政职务 | 技术职称 | 工作单位 | 完成单位 | 对本项目主要学术和技术创造性贡献 |
| 黄原 | 1 | 无 | 教授 | 陕西师范大学 | 陕西师范大学 | 项目主持人，负责项目的整体设计，测序物种选择，测序策略和方法建立，线粒体基因组分析流程建立；论文写作与投稿。 |
| 汪晓阳 | 2 | 无 | 助理研究员 | 陕西师范大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了7种（亚种）长尾山雀属及黄眉林雀的线粒体基因组，发现了这些雀形目鸟类线粒体控制区存在串联重复序列及多态性变异现象，从群体水平上研究了重复单元在黄眉林雀内的分布情况、起源和进化机制。 |
| 李雪娟 | 3 | 无 | 副研究员 | 陕西师范大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了3种马鸡和1种山鹧鸪的线粒体基因组，采用分子测年方法估计了马鸡属物种的分化时间；发现atp8基因与马鸡的高原适应相关并受到强烈的选择作用。系统发育分析证实了马鸡属的单系性并构建了马鸡属物种之间的进化关系。 |
| 刘念 | 4 | 无 | 讲师 | 陕西师范大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了中华蚱蜢的线粒体基因组并比较了21种直翅目昆虫线粒体基因组全序列，发现可能存在两种参与线粒体基因组的复制起始调控的序列结构；首次构建了这些线粒体基因组22种tRNA和2种rRNA的通用二级结构模型及主要结构域的保守性一致序列。 |
| 周志军 | 5 | 无 | 副教授 | 河北大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了螽亚目北方棘螽和优雅蝈螽的线粒体基因组，在表征了这些线粒体基因组特征的基础上，比较了直翅目螽亚目昆虫的线粒体基因组特征。 |
| 张红利 | 6 | 无 | 副教授 | 山西大同大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了西伯利亚蝗和红胫波腿蝗、贺兰短鼻蝗、红缘乞蝗的线粒体基因组，进行了蝗亚目昆虫的谱系基因组学分析，结果支持癞蝗科和蝗总科的单系性，并构建了蝗总科8个亚科之间的系统发育关系。 |
| 叶海燕 | 7 | 无 | 副教授 | 陕西师范大学 | 陕西师范大学 | 测定并表征了亚洲飞蝗的线粒体基因组，在N链上发现了3个tRNA类似序列，包括1个tRNA异亮氨酸和2个tRNA亮氨酸类似序列。 |
| 赵玲 | 8 | 无 | 副教授 | 绵阳师范学院 | 陕西师范大学 | 测定并分析了黑膝异爪蝗、乡城湄公蝗和西藏澜沧蝗3种蝗虫的线粒体基因组，构建了蝗总科8科15种昆虫的系统发育关系。 |
| 张辰艳 | 9 | 无 | 副教授 | 西北工业大学 | 陕西师范大学 | 测定并分析了中华稻蝗的线粒体基因组，表征了该物种线粒体基因组的特征，并应用12个蛋白质编码基因序列构建了7目10种昆虫的系统发育关系。 |
| 黄建华 | 10 | 无 | 教授 | 中南林业科技大学 | 陕西师范大学 | 应用线粒体COI基因作为条形码标记，首次对直翅目蝗总科昆虫进行了大规模的DNA条形码研究，计算获得蝗总科种内成对遗传距离的变化范围在0-2.96%之间，种内平均遗传距离的变化范围在0.18-1.31%之间，而种间遗传距离的变化范围在2.53-20.69%之间；证实COI条形码序列适合于蝗总科物种水平的分子鉴定，将3%作为蝗总科DNA条形码比较的阈值是合理可行的。同时，分析显示COI条形码序列不适合于蝗总科亚科级以上水平的高级阶元系统发育推断。 |

**三、完成人合作关系说明**

完成人黄原为陕西师范大学生命科学学院教授，是项目主持人，负责项目的整体设计。

在项目进行时，完成人汪晓阳、李雪娟、刘念、周志军、张红利、叶海燕、赵玲、张辰艳为陕西师范大学生命科学学院研究生，是项目参与人，负责项目的具体实施。

完成人黄建华在项目进行时为陕西师范大学生命科学学院博士后研究人员，是项目参与人，负责项目的部分规划和实施。

1. **主要完成单位排序及贡献**

陕西师范大学是本项目的唯一依托和完成单位，主要负责组织并完成了项目策划和实施工作；为项目的顺利实施提供了人力资源与优质的工作环境与场所；提供了本项目所需的设备、能源、图书资料和数据库等资源。

1. **完成单位合作关系说明**

无

**六、项目简介**

本研究成果是在三个国家自然科学基金项目（30670279，30970346，31172076）的支持下，从结构、比较、进化和谱系基因组学方面对直翅目昆虫和鸟类的线粒体基因组进行了系统的研究。成果的主要内容包括：

测定了直翅目昆虫2亚目3总科12科19种和4种鸡形目与10种雀形目鸟类的线粒体基因组序列，表征了这些线粒体基因组的组织结构及其序列特征。发现了这些线粒体基因组的新特征，包括在长尾山雀属和黄眉林雀的线粒体基因组控制区中发现了串联重复序列；在黄脸油葫芦线粒体基因组中发现了一种新的基因排列方式；在亚洲飞蝗的线粒体基因组N链上发现了3个tRNA类似序列等。

通过比较已知的直翅目昆虫线粒体基因组，构建了21种蝗虫的12S rRNA 和16S rRNA的二级结构和所有22个tRNA的二级结构；比较了控制区可能存在的调控序列和保守基序；总结了蛋白质编码基因的起始和终止密码子使用规律。

线粒体基因组的进化分析显示马鸡属线粒体atp8基因与高原适应相关并受到强烈的选择作用；山鹧鸪属的线粒体基因组在进化过程中受到选择作用的影响积累了更多的非同义替换；黄眉林雀线粒体控制区重复单元在所有取样个体中绝大多数排序状态都有多个起源，重复单元的数量变化呈现出异常多样的模式。

线粒体谱系基因组分析建立了直翅目昆虫主要类群和马鸡属和山鹧鸪属鸟类的系统发育关系，并解决了直翅目昆虫中存在的一些分类学问题。

研究成果先后在SCI期刊发表原创性学术论文13篇，其中二区论文3篇，国内核心期刊7篇。研究成果发表后得到了国内外同行的高度关注，被本领域国内外著名学者发表的研究论文正面评价或引用228次，其中被他人引用172次。

**七、主要论文专著目录和主要知识产权证明目录：**

1. Xuejuan Li, Yuan Huang, Fumin Lei. Comparative mitochondrial genomics and phylogenetic relationships of the Crossoptilon species (Phasianidae, Galliformes). BMC Genomics. 2015 Feb; 16:42. doi: 10.1186/s12864-015-1234-9.

2. Xiaoyang Wang, Nian Liu, Hongli Zhang, Xiaojun Yang, Yuan Huang, Fumin Lei. Extreme variation in patterns of tandem repeats in mitochondrial control region of yellow-browed tits (Sylviparus modestus, Paridae). Scientific Reports 5: 13227 (2015). doi:10.1038/srep13227.

3. Xiaoyang Wang, Yuan Huang, Nian Liu, Jing Yang, Fumin Lei. Seven complete mitochondrial genome sequences of bushtits (Passeriformes, Aegithalidae, Aegithalos): the evolution pattern in duplicated control regions. Mitochondrial DNA, 2015, 26(3): 350-356. doi: 10.3109/19401736.2014.1003821.

4. Nian Liu, Yuan Huang. Complete Mitochondrial Genome Sequence of Acrida cinerea (Acrididae: Orthoptera) and Comparative Analysis of Mitochondrial Genomes in Orthoptera. Comparative and Functional Genomics. 2010, Article ID 319486, 16 pages. doi:10.1155/2010/319486.

5. Haiyan Ye, Lili Xiao, Zhijun Zhou, Yuan Huang, Complete Mitochondrial Genome of Locusta migratoria migratoria (Orthoptera: Oedipodidae): Three tRNA-like Sequences on the N-strand". Zoological Science, 2012, 29(2):90-96.

6. Zhijun Zhou, Yuan Huang, Fuming Shi. The complete mitochondrial genome of Deracantha onos (Orthoptera: Bradyporidae). Mol Biol Rep (2009) 36: 7-12.

7. Ling Zhao, Zhemin Zheng, Yuan Huang, Hui-min Sun. A Comparative Analysis of Mitochondrial Genomes in Orthoptera (Arthropoda: Insecta) and Genome Descriptions of Three Grasshopper Species. Zoological Science, 2010, 27: 662–672.

8. Huimin Sun, Zhemin Zheng, Yuan Huang, Sequence and phylogenetic analysis of complete mitochondrial DNA genomes of two grasshopper species Gomphocerus rufus (Linnaeus, 1758) and Primnoa arctica (Zhang and Jin, 1985) (Orthoptera: Acridoidea). Mitochondrial DNA, 2010, 21(3-4): 115-131.

9. Hongli Zhang, Ling Zhao , Zhemin Zheng , Yuan Huang, Complete Mitochondrial Genome of Gomphocerus sibiricus (Orthoptera: Acrididae) and Comparative Analysis in Four Gomphocerinae Mitogenomes. Zoological Science, 2013, 30(3):192-204.

10. Hongli Zhang, Huihua Zeng, Yuan Huang, Zhemin Zheng, The complete mitochondrial genomes of three grasshoppers, Asiotmethis zacharjini, Filchnerella helanshanensis and Pseudotmethis rubimarginis (Orthoptera: Pamphagidae). Gene, 2013, 517: 89–98.

11. Zhijun Zhou, Fuming Shi, Yuan Huang. The complete mitogenome of the Chinese bush cricket, Gampsocleis gratiosa (Orthoptera: Tettigonioidea). Journal of Genetics and Genomics，2008, 35: 341−348.

12. Chenyan Zhang, Yuan Huang，Complete mitochondrial genome of Oxya chinensis (Orthoptera, Acridoidea). Acta Biochim Biophys Sin. 2008，40(1): 7-18.

13. Jianhua Huang, Aibing Zhang, Shaoli Mao, Yuan Huang. DNA Barcoding and Species Boundary Delimitation of Selected Species of Chinese Acridoidea (Orthoptera: Caelifera). PLoS ONE, 2013, 8(12): e82400.

14. 柯杨, 黄原, 雷富民. 黑尾地鸦线粒体基因组序列测定与分析. 遗传, 2010, 32(9): 951-960.

15. 叶伟, 党江鹏, 谢令德, 黄原. 黄脸油葫芦线粒体基因组：一种新的基因排列方式. 动物学研究, 2008, 29(3): 236-244.

16. 杨超, 雷富民, 黄原. 地山雀线粒体基因组全序列的测定和分析. 动物学研究, 2010, 31(4): 333-344.

17. 李雪娟, 黄原, 雷富民. 山鹧鸪属鸟类线粒体基因组的比较及系统发育研究. 遗传, 2014, 36(9): 912-920.

18. 高瑞瑞, 黄原, 雷富民. 中华攀雀线粒体基因组全序列测定与分析. 动物学研究，2013, 34(3): 228−237.

19. 党江鹏，刘念，叶伟，黄原. 云斑车蝗线粒体基因组全序列测定与分析. 昆虫学报, 2008, 51(7): 671-680.

20. Hongwen Shi, Fangmei Ding, Yuan Huang. Complete Sequencing and Analysis of mtDNA in Phlaeoba albonema Zheng. Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology, 2008, 24(7): 604-611.（师红雯, 丁方美, 黄原. 白纹佛蝗线粒体全基因组序列. 中国生物化学与分子生物学报, 2008, 24(7): 604-611.）

**八、客观评价**

线粒体谱系基因组分析建立了直翅目昆虫主要类群和马鸡属和山鹧鸪属鸟类的系统发育关系，并解决了直翅目昆虫中存在的一些分类学问题。研究成果先后在SCI期刊发表原创性学术论文13篇，其中二区论文3篇，国内核心期刊7篇。研究成果发表后得到了国内外同行的高度关注，被本领域国内外著名学者发表的研究论文正面评价或引用228次，其中被他人引用172次。

**九、知情同意证明**

报奖成果20篇论文（专著）中，以第一作者、通讯作者或共同通讯作者出现，但不作为本次申报奖励的主要完成人的人员，对此次报奖知情同意，且没有异议（证明材料见附件）。

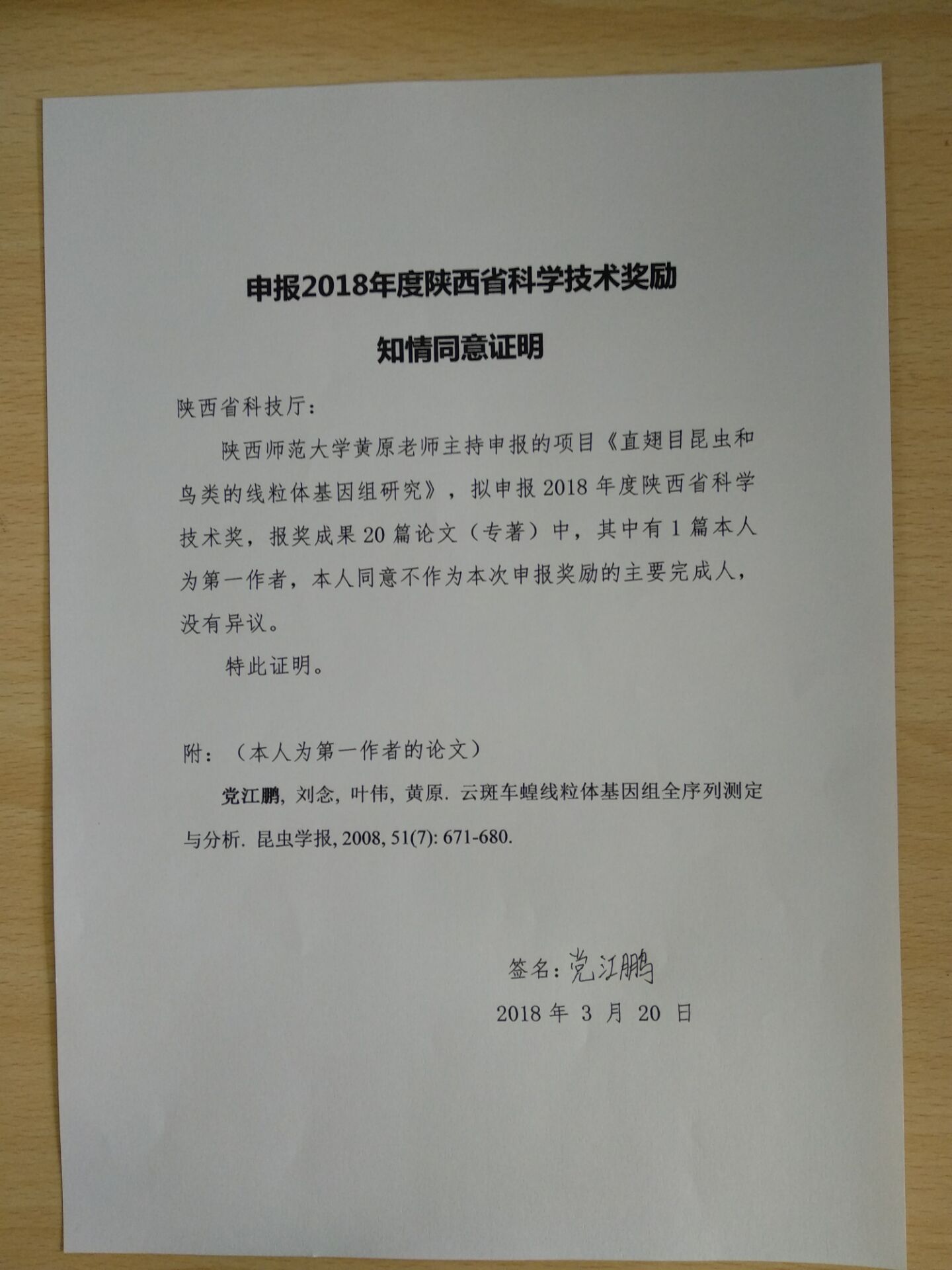
**十、科学意义和价值**

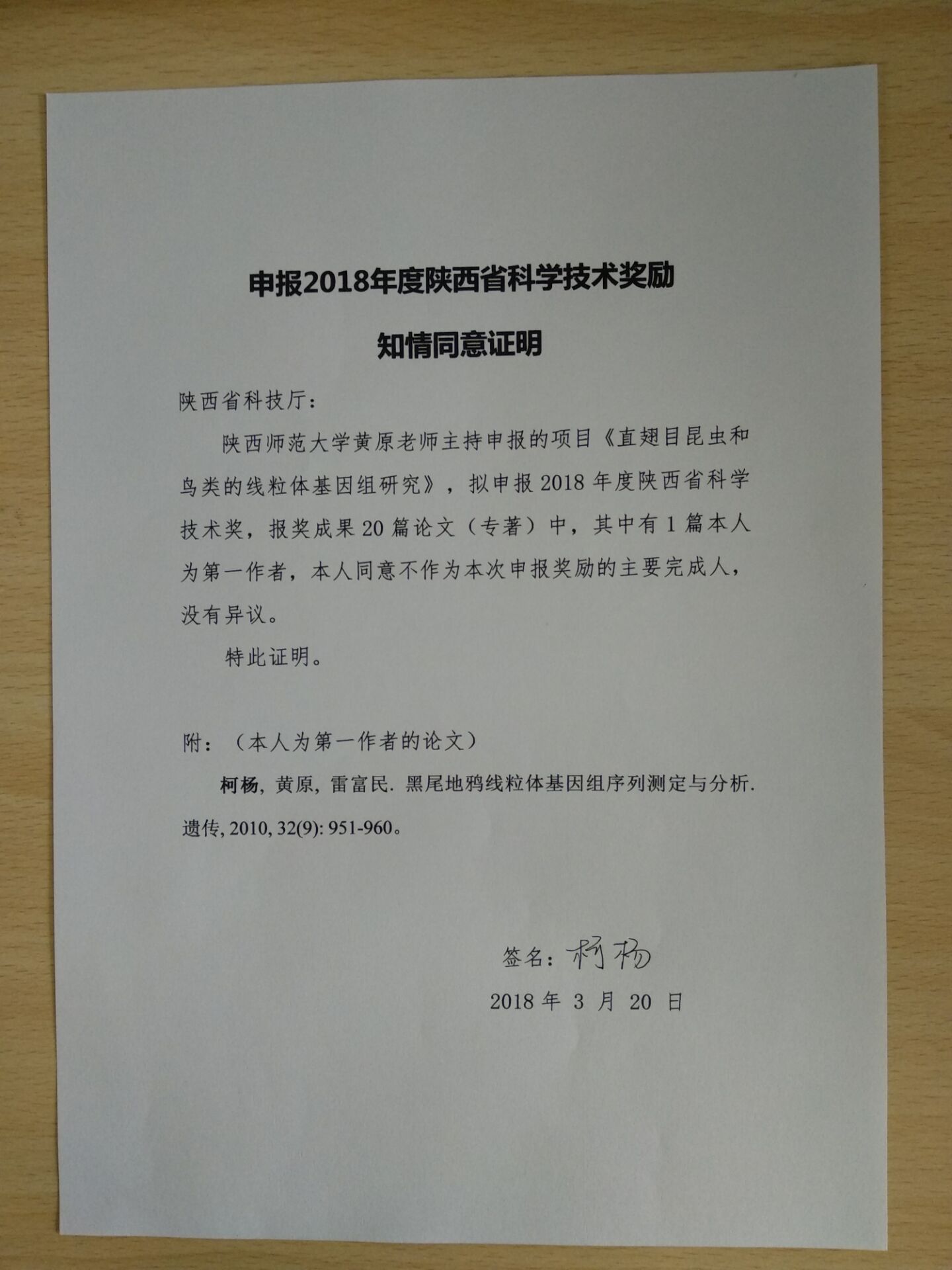
线粒体基因组被广泛用于研究群体遗传结构、谱系地理学和各种分类学水平上的系统发育和进化研究中。直翅目昆虫和鸟类作为研究许多重要生物学问题的模式生物，是动物界中进化和系统发育研究的重要对象。本项目采用基因组学和生物信息学技术，在测定和表征直翅目昆虫和鸟类部分类群的线粒体基因组的基础上，比较了直翅目昆虫和鸟类线粒体基因组的组织结构和序列特征，发现了直翅目昆虫和鸟类线粒体基因组的一些新特征，加深了人们对直翅目昆虫和鸟类线粒体基因组的认识；同时，研究了这些线粒体基因组序列的变异、适应性变化和选择约束性等进化特征；最后，基于这些基因组数据解决这些直翅目昆虫和鸟类中存在的分类学问题并建立了这些类群之间的系统发育关系。项目实施过程中建立的线粒体基因组测序策略与方法和生物信息学分析流程，被国内外多个实验室采用，促进了线粒体基因组的研究。本项目测定的线粒体基因组数据为直翅目昆虫和鸟类进化与系统发育研究提供丰富信息，对直翅目昆虫和鸟类的基因组学、系统学和进化研究具有重要理论意义和实践价值。

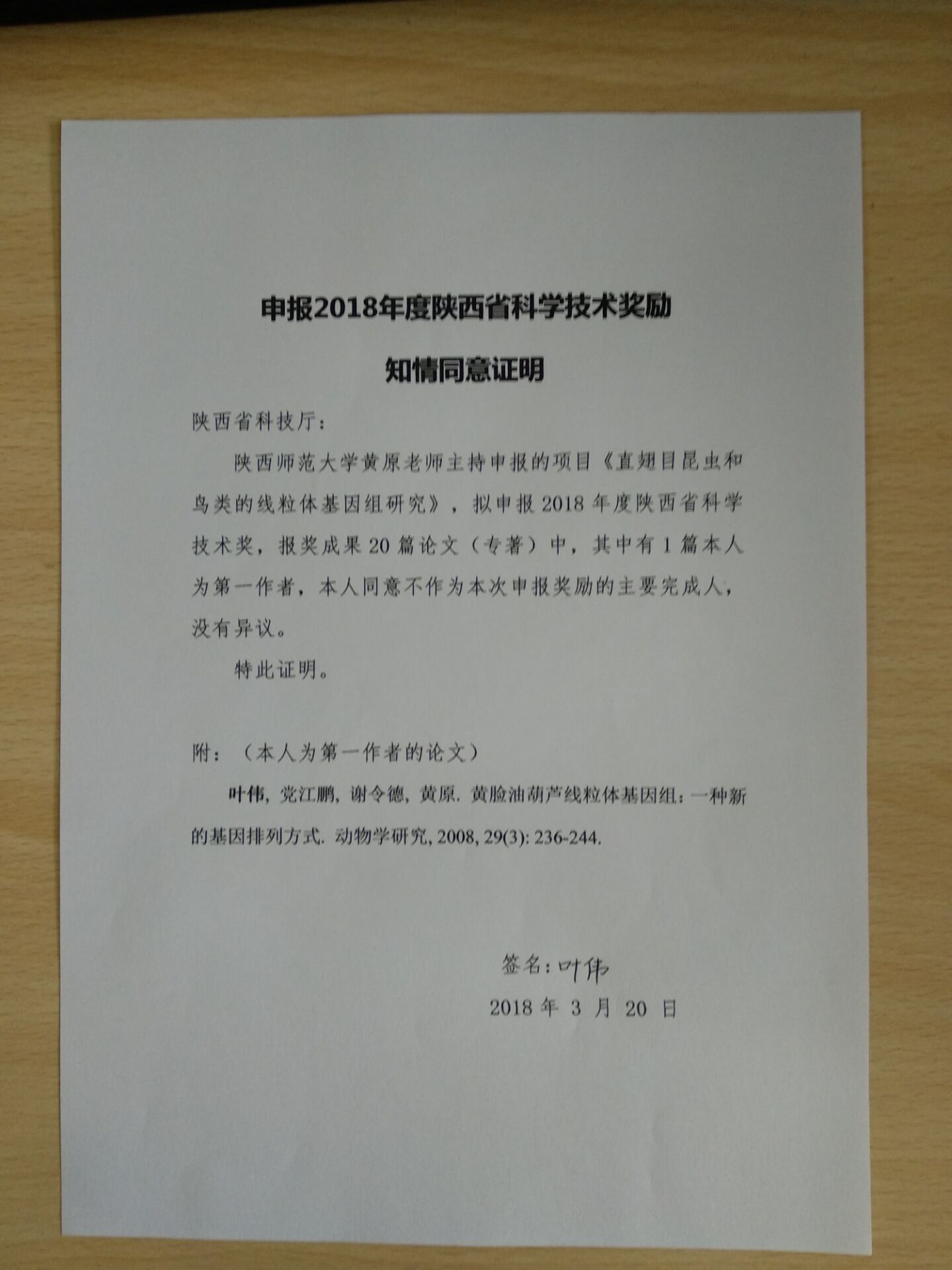
**主要论文专著目录（限20条）**

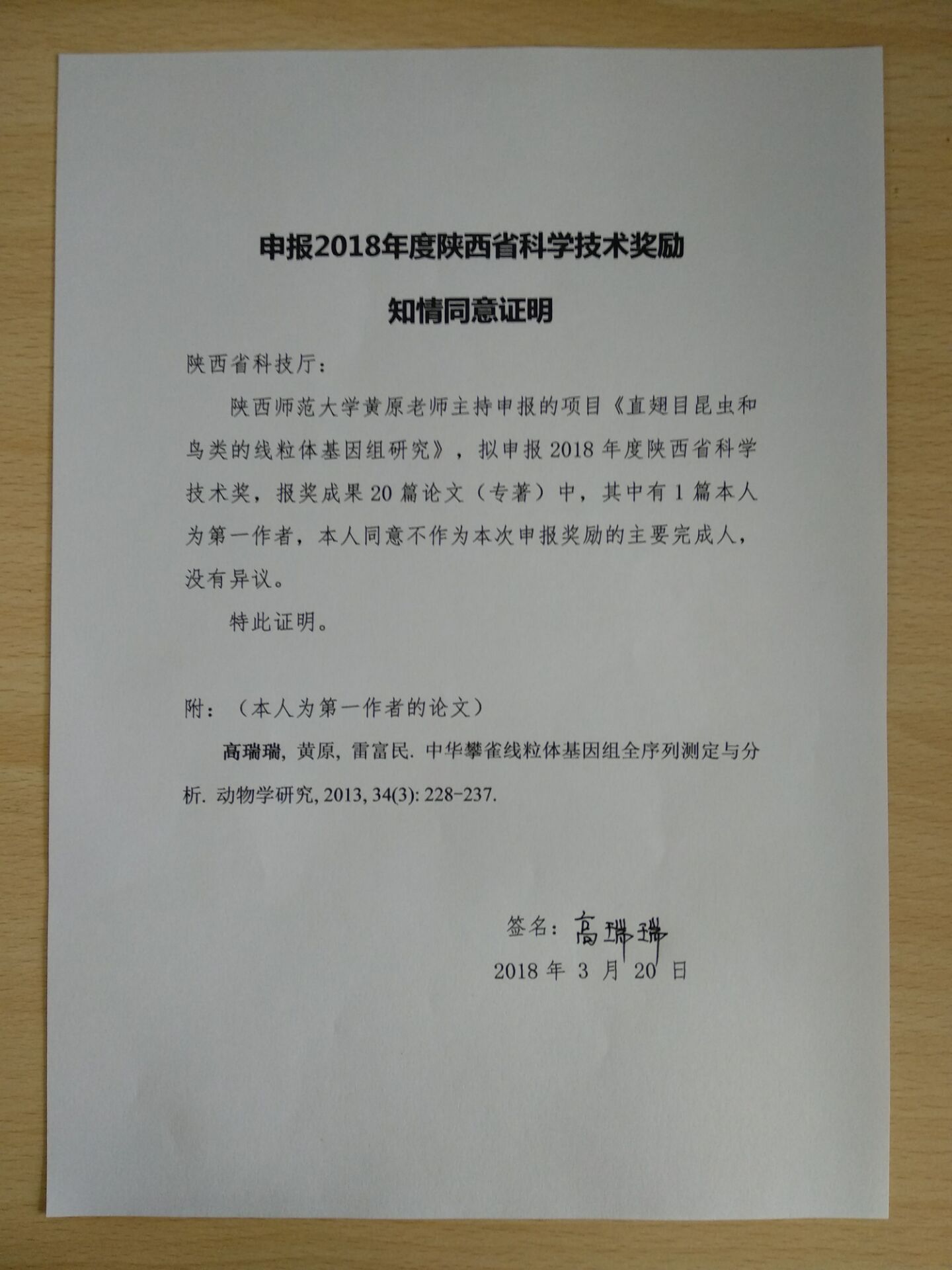
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 序号 | 论文专著名称 | | 刊名 | 作者 | 我校是否第一单位 | 影响因子 | 年卷页码（xx年xx卷xx页） | 发表时间 | 通讯作者 | 第一作者 | 国内作者 | SCI他引次数 | 他引总次数 | 知识产权是否归国内所有 |
| 1 | Comparative mitochondrial genomics and phylogenetic relationships of the Crossoptilon species (Phasianidae, Galliformes) | | BMC Genomics | Xuejuan Li, Yuan Huang, Fumin Lei | 是 | 3.867 | 2015年16卷42 | 201502 | 黄原，雷富民 | 李雪娟 | 李雪娟，黄原，雷富民 | 0 | 0 | 是 |
| 2 | Extreme variation in patterns of tandem repeats in mitochondrial control region of yellow-browed tits (Sylviparus modestus, Paridae) | | Scientific Reports | Xiaoyang Wang, Nian Liu, Hongli Zhang, Xiaojun Yang, Yuan Huang, Fumin Lei | 是 | 5.228 | 2015年5卷13227 | 201508 | 黄原，雷富民 | 汪晓阳 | 汪晓阳，刘念，张红利，杨晓军，黄原，雷富民 | 1 | 1 | 是 |
| 3 | Seven complete mitochondrial genome sequences of bushtits (Passeriformes, Aegithalidae, Aegithalos): the evolution pattern in duplicated control regions | | Mitochondrial DNA | Xiaoyang Wang, Yuan Huang, Nian Liu, Jing Yang, Fumin Lei | 是 | 1.76 | 2015年26卷350-356页 | 201501 | 黄原，雷富民 | 汪晓阳 | 汪晓阳，黄原，刘念，杨婧，雷富民 | 1 | 1 | 是 |
| 4 | Complete Mitochondrial Genome Sequence of Acrida cinerea (Acrididae: Orthoptera) and Comparative Analysis of Mitochondrial Genomes in Orthoptera | | Comparative and Functional Genomics | Nian Liu, Yuan Huang | 是 | 0.826 | 2010年2010卷319486 | 201012 | 黄原 | 刘念 | 刘念，黄原 | 4 | 4 | 是 |
| 5 | Complete Mitochondrial Genome of Locusta migratoria migratoria (Orthoptera: Oedipodidae): Three tRNA-like Sequences on the N-strand | | Zoological Science | Haiyan Ye, Lili Xiao, Zhijun Zhou, Yuan Huang | 是 | 1.076 | 2012年29卷90-96页 | 201202 | 黄原 | 叶海燕 | 叶海燕，肖莉莉，周志军，黄原 | 0 | 0 | 是 |
| 6 | The complete mitochondrial genome of Deracantha onos (Orthoptera: Bradyporidae) | | Molecular Biology Reports | Zhijun Zhou, Yuan Huang, Fuming Shi | 是 | 1.75 | 2009年36卷7-12页 | 200901 | 黄原 | 周志军 | 周志军，黄原，石福明 | 35 | 35 | 是 |
| 7 | A Comparative Analysis of Mitochondrial Genomes in Orthoptera (Arthropoda: Insecta) and Genome Descriptions of Three Grasshopper Species | | Zoological Science | Ling Zhao, Zhemin Zheng, Yuan Huang, Huimin Sun | 是 | 0.821 | 2010年27卷662-672页 | 201008 | 黄原 | 赵玲 | 赵玲，郑哲民，黄原，孙慧敏 | 7 | 7 | 是 |
| 8 | Sequence and phylogenetic analysis of complete mitochondrial DNA genomes of two grasshopper species Gomphocerus rufus (Linnaeus, 1758) and Primnoa arctica (Zhang and Jin, 1985) (Orthoptera: Acridoidea) | | Mitochondrial DNA | Huimin Sun, Zhemin Zheng, Yuan Huang | 是 | 0.333 | 2010年21卷115-131页 | 201006 | 黄原 | 孙慧敏 | 孙慧敏，郑哲民，黄原 | 5 | 5 | 是 |
| 9 | Complete Mitochondrial Genome of Gomphocerus sibiricus (Orthoptera: Acrididae) and Comparative Analysis in Four Gomphocerinae Mitogenomes | | Zoological Science | Hongli Zhang, Ling Zhao , Zhemin Zheng , Yuan Huang | 是 | 1.076 | 2013年30卷192-204页 | 201303 | 郑哲民 | 张红利 | 张红利，赵玲，郑哲民，黄原 | 0 | 0 | 是 |
| 10 | The complete mitochondrial genomes of three grasshoppers, Asiotmethis zacharjini, Filchnerella helanshanensis and Pseudotmethis rubimarginis (Orthoptera: Pamphagidae) | | Gene | Hongli Zhang, Huihua Zeng, Yuan Huang, Zhemin Zheng | 是 | 2.082 | 2013年517卷89-98页 | 201303 | 郑哲民 | 张红利 | 张红利，曾慧花，黄原，郑哲民 | 4 | 4 | 是 |
| 11 | The complete mitogenome of the Chinese bush cricket, Gampsocleis gratiosa (Orthoptera: Tettigonioidea) | | Journal of Genetics and Genomics | Zhijun Zhou, Fuming Shi, Yuan Huang | 是 | 0.248 | 2008年40卷341-348页 | 200806 | 黄原 | 周志军 | 周志军，石福明，黄原 | 13 | 13 | 是 |
| 12 | Complete mitochondrial genome of Oxya chinensis (Orthoptera, Acridoidea) | | Acta biochimica et biophysica Sinica | Chenyan Zhang, Yuan Huang | 是 | 1.017 | 2008年40卷7-18页 | 200801 | 黄原 | 张辰艳 | 张辰艳，黄原 | 24 | 24 | 是 |
| 13 | DNA Barcoding and Species Boundary Delimitation of Selected Species of Chinese Acridoidea (Orthoptera: Caelifera) | | PLoS ONE | Jianhua Huang, Aibing Zhang, Shaoli Mao, Yuan Huang | 是 | 3.73 | 2013年8卷e82400 | 201312 | 黄原 | 黄建华 | 黄建华，张爱兵，毛少利，黄原 | 9 | 9 | 是 |
| 14 | 黑尾地鸦线粒体基因组序列测定与分析 | | 遗传 | 柯杨，黄原，雷富民 | 是 |  | 2010年32卷951-960页 | 201009 | 雷富民 | 柯杨 | 柯杨，黄原，雷富民 | 0 | 19 | 是 |
| 15 | 黄脸油葫芦线粒体基因组：一种新的基因排列方式 | | 动物学研究 | 叶伟，党江鹏，谢令德，黄原 | 是 |  | 2008年29卷236-244页 | 200806 | 黄原 | 叶伟 | 叶伟，党江鹏，谢令德，黄原 | 0 | 16 | 是 |
| 16 | 地山雀线粒体基因组全序列的测定和分析 | | 动物学研究 | 杨超，雷富民，黄原 | 是 |  | 2010年31卷333-344页 | 201008 | 黄原 | 杨超 | 杨超，雷富民，黄原 | 0 | 10 | 是 |
| 17 | 山鹧鸪属鸟类线粒体基因组的比较及系统发育研究 | | 遗传 | 李雪娟，黄原，雷富民 | 是 |  | 2010年36卷912-920页 | 201409 | 黄原，雷富民 | 李雪娟 | 李雪娟，黄原，雷富民 | 0 | 1 | 是 |
| 18 | 中华攀雀线粒体基因组全序列测定与分析 | | 动物学研究 | 高瑞瑞，黄原，雷富民 | 是 |  | 2013年34卷228-237页 | 201306 | 黄原 | 高瑞瑞 | 高瑞瑞，黄原，雷富民 | 0 | 4 | 是 |
| 19 | 云斑车蝗线粒体基因组全序列测定与分析 | | 昆虫学报 | 党江鹏，刘念，叶伟，黄原 | 是 |  | 2008年51卷671-680页 | 200807 | 黄原 | 党江鹏 | 党江鹏，刘念，叶伟，黄原 | 0 | 10 | 是 |
| 20 | Complete Sequencing and Analysis of mtDNA in Phlaeoba albonema Zheng(白纹佛蝗线粒体全基因组序列) | | Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology(中国生物化学与分子生物学报) | Hongwen Shi, Fangmei Ding, Yuan Huang(师红雯, 丁方美, 黄原) | 是 |  | 2008年24卷604-611页 | 200807 | 黄原 | 师红雯 | 师红雯, 丁方美, 黄原 | 0 | 9 | 是 |
| 合 计 | | | | | | | | | | | | 103 | 172 |  |
| 补充说明 | |  | | | | | | | | | | | | |

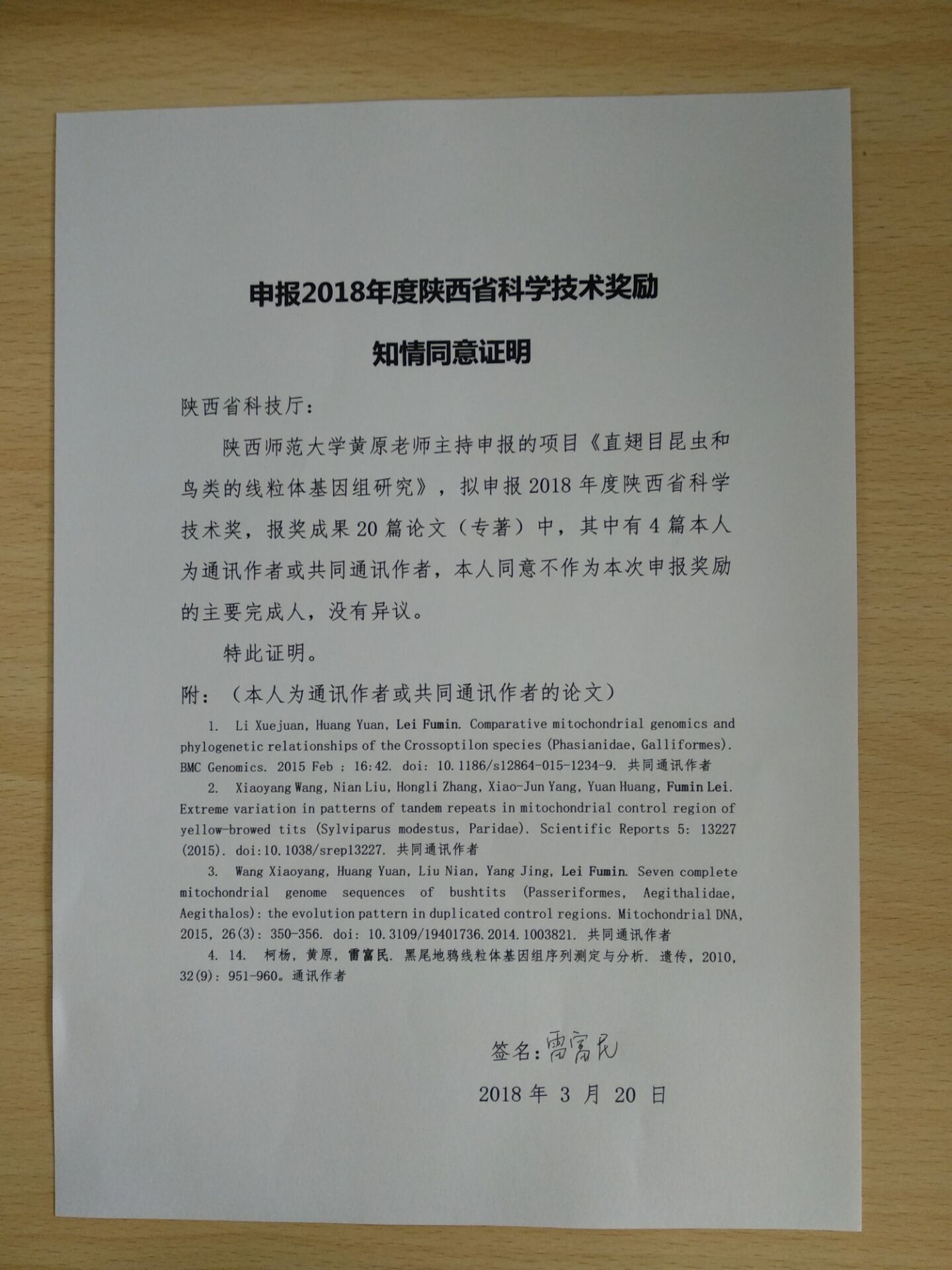
**知情同意证明**

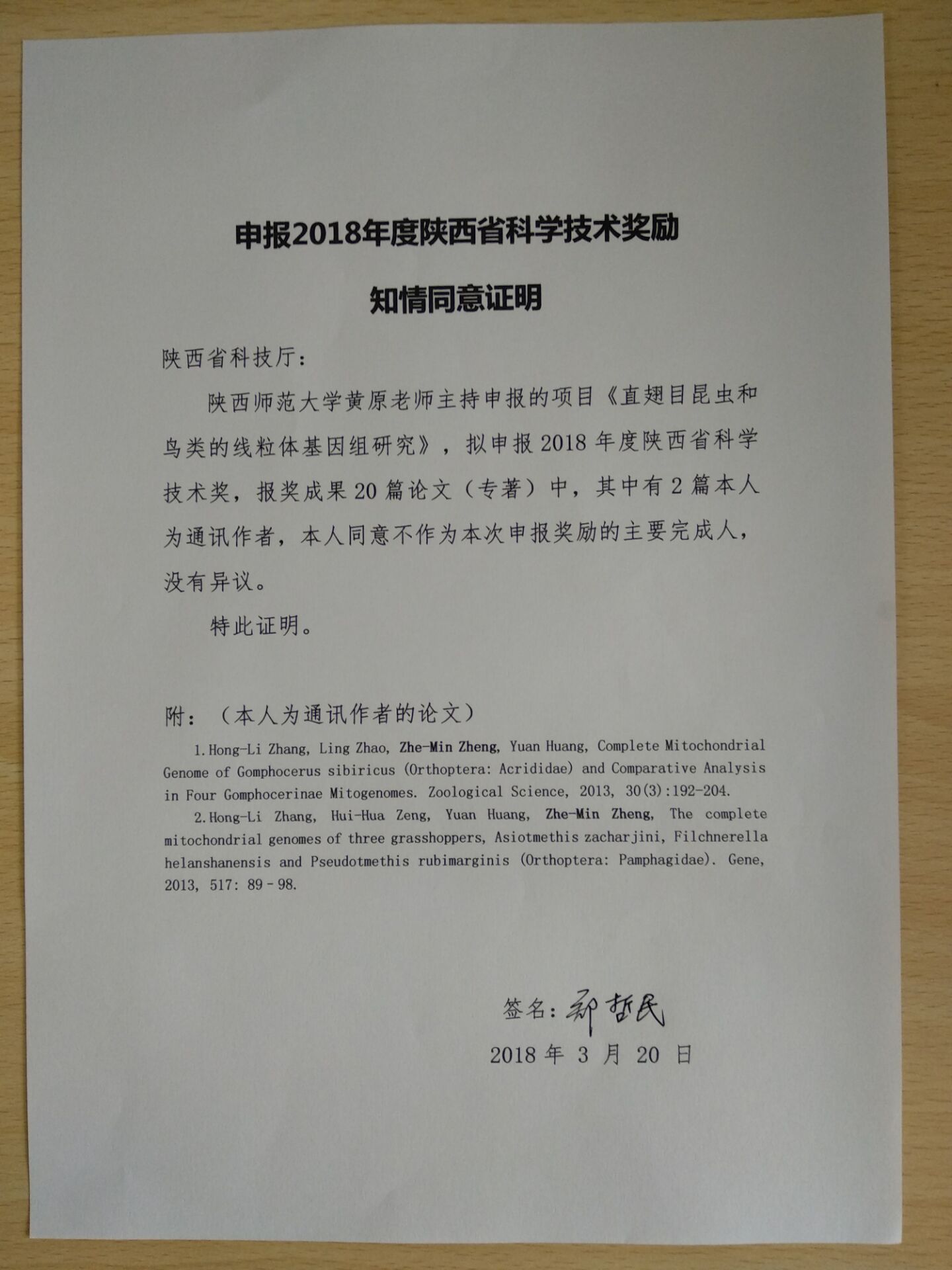


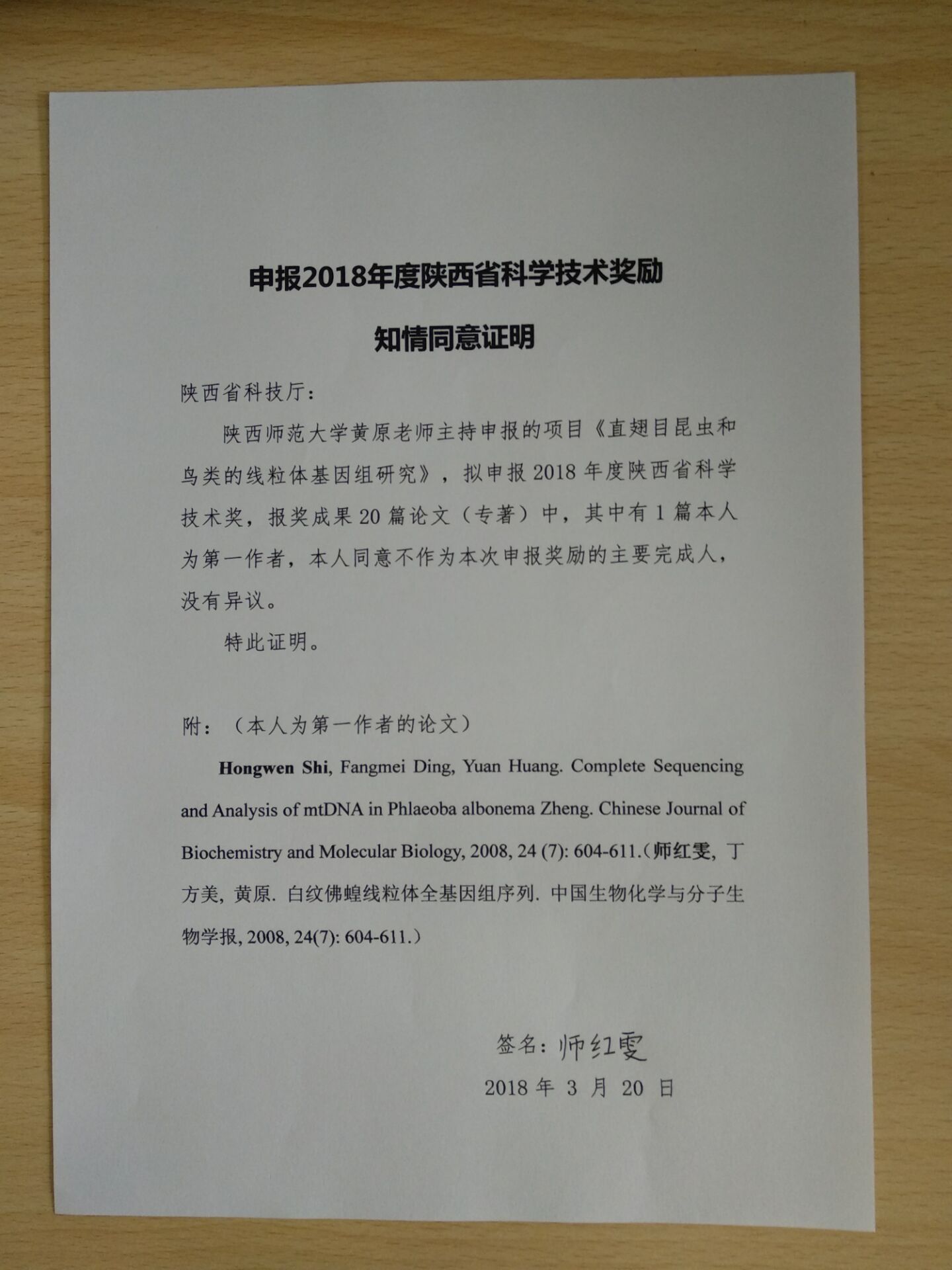


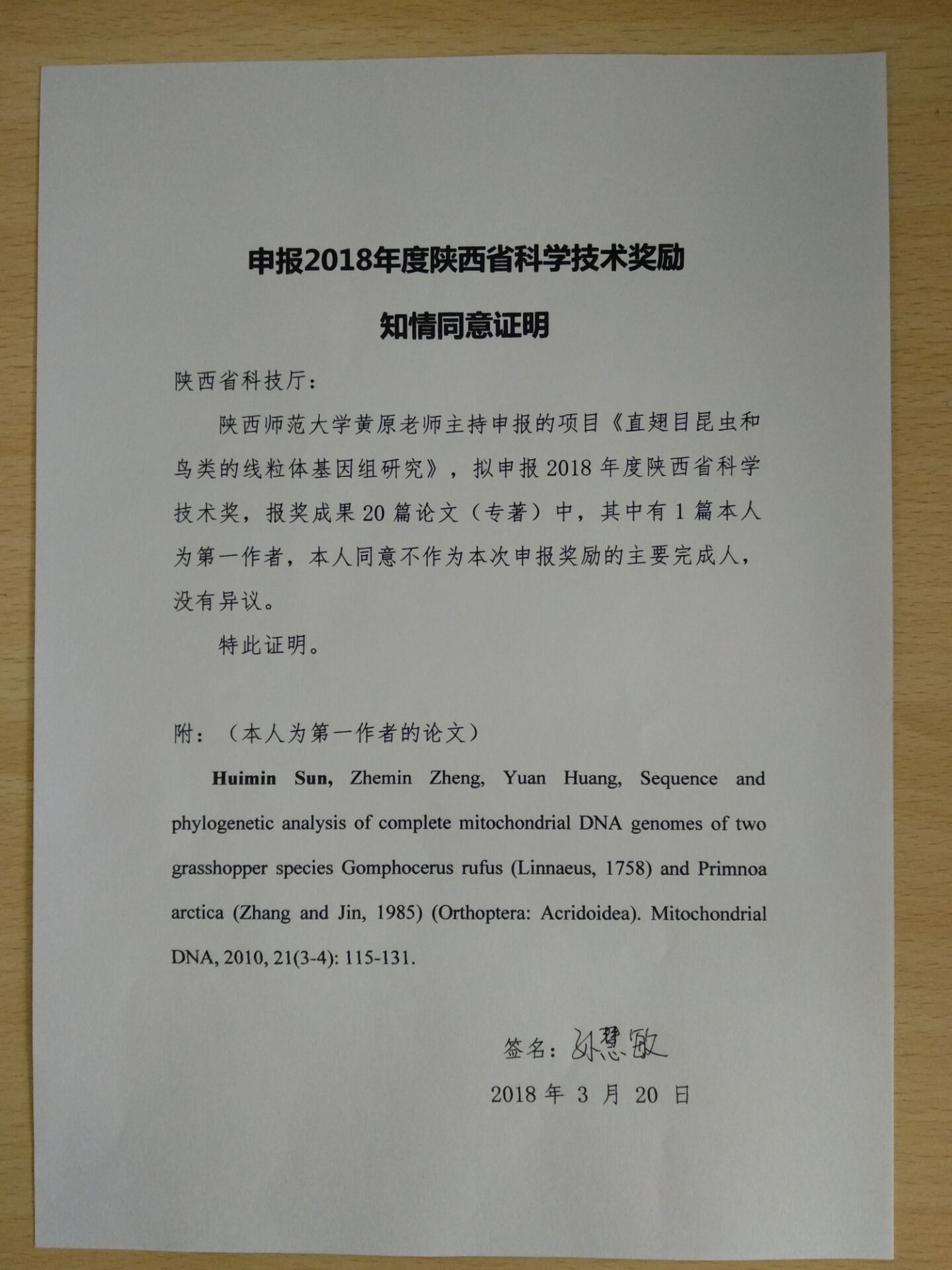
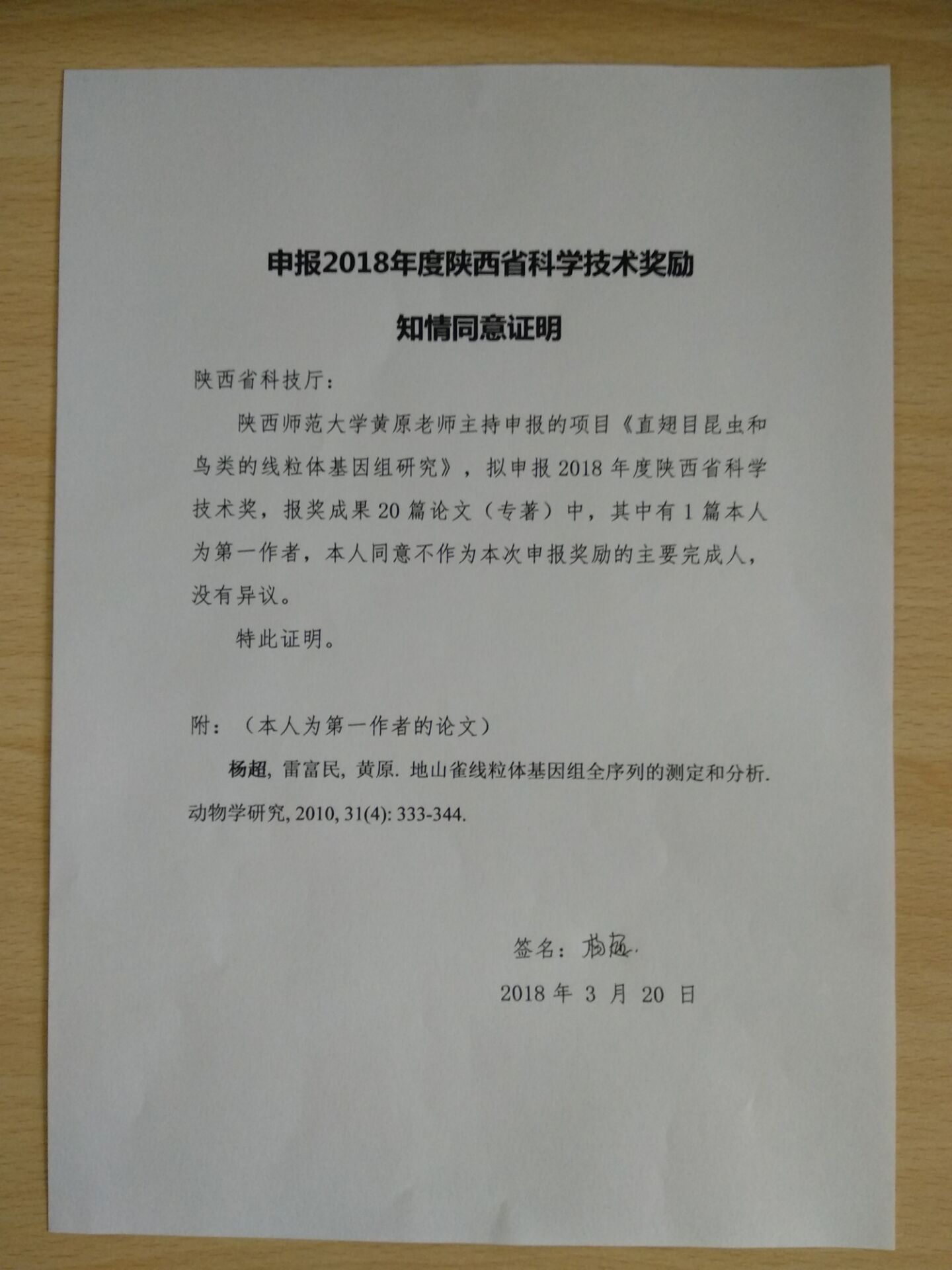
****

****

****

****

****

****