**李氏大足蝗线粒体全基因组序列分析**

　　动物学研究200930(6):603-612ISSN:0254-5853N:

　　李氏大足蝗线粒体全基因组序列分析

　　高佳,程春花,黄原\*

　　陕西师范大学生命科学学院,陕西西安710062

　　收稿日期2009-5-5修回日期网络版发布日期2009-12-20接受日期2009-10-14

　　摘要

　　采用长距PR扩增及保守引物步移法测定并注释了李氏大足蝗(Aerpuslientihang)的线粒体基因组全序列。结果表明，李氏大足蝗的线粒体基因组全长15597bp，A+T含量为74.8%，37个基因位置与飞蝗的一致，基因间隔序列共计17处105bp，间隔长度从1～21bp不等；有10对基因间存在58bp重叠，重叠碱基数在1～17bp之间。13个蛋白质编码基因中找到4种可能的起始密码子；有12个基因在基因3'端找到完全的TAA或TAG终止密码子，只有ND5基因终止密码子为不完整的T。除tRNASer（AGN）外，其余21个tRNA基因的二级结构均属典型的三叶草结构。tRNASer（AGN）的DHU臂缺失，在相应的位置上只形成一个环。预测的lrRNA二级结构总共有6个结构域（结构域Ⅲ缺失），47个茎环结构；预测的srRNA的二级结构包含3个结构域，31个茎环结构。A+T丰富区长度为712bp。关键词线粒体基因组；rRNA二级结构；李氏大足蝗；槌角蝗科；直翅目

　　分类号

　　DI:10.3724/SP.J.1141.2009.06603

　　通讯作者:

　　黄原yuanh@snnu.edu.n作者个人主页:高佳;程春花;黄原\*