# 2026年度湖南省自然科学奖提名公示材料

**一、项目名称：**

后生动物线粒体基因组碎片化的起源、演化与重组：寄生虱模式体系

**二、提名意见：**

该项目针对线粒体基因组碎片化起源不明、结构分化规律不详、重组机制不清等瓶颈问题，以寄生虱这一可重复观测的天然比较体系为研究对象。该类群的线粒体基因组碎片化在真兽类中单次起源、在鸟类中多次独立发生、在属内呈连续梯度变异。历经十余年联合攻关，取得系列原创性成果：厘清真兽类寄生虱线粒体基因组碎片化的单次起源，确认5类衍生微染色体为Mitodivisia支系的共有衍征，确立“只有单次起源的共有结构衍征才携带稳定系统发育信息”的建树判据，并据此提出兽羽虱亚目（Trichodectera）分类修订方案；发现同属近缘种线粒体基因组可由单环结构剧烈分裂为12条微环，微染色体数目可在融合与分裂之间双向演化，修正了属内结构高度一致的传统认知；检测到微染色体间活跃的重组信号并定位潜在重组热点，揭示微染色体重组是驱动碎片化线粒体基因组结构演化的内在动力，建立“复制—退化—删除”模型。

5篇代表性论文影响因子合计30.8，单篇最高10.4；SCI总他引83次，单篇最高47次。项目成员1人获国家自然科学基金青年科学基金项目（B类）资助，1人获湖南省科技创新领军人才，1人获湖南省优秀博士学位论文；项目成员应邀在第七届国际虱目大会作特邀报告。该成果推动了线粒体基因组结构演化研究，其中“重组驱动碎片化”的理论突破改变了动物线粒体基因组缺乏同源重组的传统认识，引领该领域国际前沿，确立了我国在该方向的国际领先地位。

提名该项目为湖南省自然科学奖一等或二等奖。

**三、代表作及论文目录：**

| 序号 | 代表作名称/刊名/作者 | 年卷页码（xx年xx卷xx页） | 发表时间（年月日） | 通讯作者（含共同） | 第一作者（含共同） | 国内作者（排序） | 他引总次数 | 检索数据库 | 是否国内期刊/国内出版专著 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | Mitochondrial genome fragmentation unites the parasitic lice of eutherian mammals/ Systematic Biology/Song F, Li H, Liu GH, Wang W, James P, Colwell DD, Tran A, Gong S, Cai W, Shao R | 2019, 68(3):430–440 | 2018-09-17 | Shao R | Song F, Li H | 宋凡（1）、李虎（2）、刘国华（3）、龚思宇（8）、彩万志（9） | 47 | NCBI | 否 |
| 2 | Human pediculosis, a global public health problem/ Infectious Diseases of Poverty/Fu YT, Yao C, Deng YP, Elsheikha HM, Shao R, Zhu XQ, Liu GH | 2022, 11:58 | 2022-05-26 | 刘国华；朱兴全；Yao C | 符意甜 | 符意甜（1）、邓园萍（3）、朱兴全（6）、刘国华（7） | 25 | NCBI | 否 |
| 3 | The fragmented mitochondrial genomes of two *Linognathus* lice reveal active minichromosomal recombination and | 2023, 26:107351 | 2023-08-18 | 刘国华 | 符意甜 | 符意甜（1）、王惠妹（5）、刘国华（6） | 5 | NCBI | 否 |

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | recombination hotspots/ iScience/Fu YT, Shao R, Suleman, Wang W, Wang HM, Liu GH | | | | | | | | |
| 4 | Drastic variation in mitochondrial genome organization between two congeneric species of bird lice (Philopteridae: *Ibidoecus*)/BMC Genomics/Cao ML, Nie Y, Yi XL, Xiong J, Wang W, Deng YP, Fu YT, Liu GH, Shao R | 2024, 25:1084 | 2024-11-14 | Renfu Shao；刘国华 | 曹媚玲 | 曹媚玲（1）、聂瑜（2）、2 西龙（3）、熊俊（4）、邓园萍（6）、符意甜（7）、刘国华（8） | 2 | NCBI | 否 |
| 5 | Variation of mitochondrial minichromosome composition in *Hoplopleura* lice (Phthiraptera: Hoplopleuridae) from rats/ Parasites & Vectors/ Fu YT, Nie Y, Duan DY, | 2020, 13:506 | 2020-10-06 | 刘国华；段德勇 | 符意甜 | 符意甜（1），聂瑜（2），段德勇（3），刘国华（4） | 4 | NCBI | 否 |

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Liu GH | | | | | | | | |
| 合　计 | | | | | | | 83 | | |

注：如有在国内期刊发表的论文或国内出版的专著，可填不超过 6 篇。

**四、主要完成人**

刘国华、符意甜、李虎、宋凡、朱兴全。

**五、主要完成单位**

湖南农业大学、中国农业大学、山西农业大学。

**六、主要完成人合作关系说明。**

本项目主要完成人为刘国华、符意甜、李虎、宋凡、朱兴全。其中刘国华、符意甜为湖南农业大学教职工；李虎、宋凡为中国农业大学教职工；朱兴全为山西农业大学教职工。

项目第一完成人刘国华与其余完成人拥有长期稳定的科研合作基础。符意甜于 2017 年 9 月加入刘国华教授团队，开展外寄生虫线粒体基因组学相关研究，目前仍在该团队从事科研工作。刘国华与李虎自 2013 年起开展合作，联合发表多篇线粒体基因组相关论文；2018 年 3 月，刘国华与宋凡在澳大利亚阳光海岸大学共同开展寄生虱线粒体基因组学研究；刘国华自 2007 年 3 月起在朱兴全教授团队开展寄生虫学研究，双方持续保持科研合作。刘国华与符意甜合作发表代表性论文 1、3、4、5；刘国华与朱兴全合作发表代表性论文 2；刘国华与李虎、宋凡合作发表代表性论文 1。

| 序号 | 合作方式 | 合作者/排名 | 合作时间 | 合作成果 | 证明材料 | 备注 |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 论文合著 | 宋凡、李虎、刘国华/1、2、3 | 2018-09-17 | Mitochondrial genome fragmentation unites the parasitic lice of eutherian mammals | FJ-1 代表性论文 1 | |

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 2 | 论文合著 | 符意甜、朱兴全、刘国华/1、6、7 | 2022-05-26 | Human pediculosis, a global public health problem | FJ-1 代表性论文 2 | |
| 3 | 论文合著 | 符意甜、刘国华/1、6 | 2023-08-18 | The fragmented mitochondrial genomes of two *Linognathus* lice reveal active minichromosomal recombination and recombination hotspots | FJ-1 代表性论文 3 | |
| 4 | 论文合著 | 符意甜、刘国华/7、8 | 2024-11-14 | Drastic variation in mitochondrial genome organization between two congeneric species of bird lice (Philopteridae: *Ibidoecus*) | FJ-1 代表性论文 4 | |
| 5 | 论文合著 | 符意甜、刘国华/1、4 | 2020-10-06 | Variation of mitochondrial minichromosome composition in *Hoplopleura* lice (Phthiraptera: Hoplopleuridae) from rats | FJ-1 代表性论文 5 | |