新疆一种琥珀螺线粒体基因组测序分析

马　蕊, 阿尔祖古丽•买买提吐尔逊, 张卫红

(新疆大学生命科学与技术学院 新疆生物资源基因工程重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘要: 本研究利用高通量测序技术获得采自新疆昭苏琥珀螺科一未知种的线粒体全基因组序列。该种琥珀螺线粒体基因组全长 14 219 bp, 由 13 个蛋白质编码基因, 22 个 tRNA 基因, 2 个 rRNA 基因及 1 个控制区组成。基因组中 AT 含量为 76.43%, GC 含量为 23.57%, 表现出明显的 AT 偏好性。13 个 PCGs 多使用 ATG 为起始密码子, TAA 为终止密码子。tRNA 基因中 *tRNA-Ser1* 和 *tRNA-Ser2* 缺少 DHU 臂, 其中 *tRNA-Ser1* 在缺失的 DHU 臂处有一个小的茎环结构。非编码区位于 *COX3* 与 *tRNA-Ile* 之间, 长度为 58 bp。琥珀螺科中现有腐败琥珀螺 *Succinea putris*、五家渠尖缘螺 *Oxyloma wujiaquensis* 和 *Omalonyx unguis* 的线粒体基因组被报道。三者的基因排列顺序和结构基本相似。昭苏琥珀螺未知种的基因排列顺序与它们有所不同。昭苏琥珀螺未知种的 *tRNA-Tyr* 和 *tRNA-Trp* 基因位于 *COX2* 和 *tRNA-Gly* 之间, 上述三种 *tRNA-Tyr* 和 *tRNA-Trp* 基因位于 *tRNA-Ser2* 和 *tRNA-Ser1* 之间。系统发育树结果显示, 琥珀螺科的四种聚为一支, 为单系群, 其中腐败琥珀螺和 *Omalonyx unguis* 亲缘关系更近。本研究结果支持昭苏琥珀螺未知种为中国一未报道的属种, 但要确定其是否为一新属新种尚需更多的分子和形态数据。

关键词: 新疆; 琥珀螺科; 高通量测序; 线粒体基因组

中图分类号: Q959.212　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-3096(2022)10-0159-08

DOI: 10.11759/hykx20211022001

琥珀螺科 Succineidae 广泛分布于世界各地, 是陆生软体动物中较原始的类群。该科共分为 3 个亚科, 琥珀螺亚科 Succineinae、原生琥珀螺亚科 Catinellinae 和尖缘螺亚科 Oxylomatinae[1-2]。由于贝壳特征趋同明显、许多属种的解剖特征未知, 该科的种数和分属(亚属)情况目前仍不确定[3]。中国已报道该科 2 亚科 3 属 27 种[4-6], 因为研究基础不足, 一些属种的分类有待厘定。目前, 该科仅有腐败琥珀螺 *Succinea putris* (Linneaus, 1758)、五家渠尖缘螺 *Oxyloma wujiaquensis* Li, Guo & Zhang, 2017 和 *Omalonyx unguis* (d'Orbigny, 1836)的线粒体全基因组序列被报道[7-9]。本研究对采自新疆昭苏一种琥珀螺的线粒体全基因组进行了测序分析, 研究结果可以丰富琥珀螺科分子数据, 也可为该种琥珀螺的分类以及我国琥珀螺科系统分类研究提供基础数据。

1　材料与方法

1.1　材料

标本(标本号: XJU S13035)于 2013 年 8 月 14 日采自新疆伊犁昭苏县夏特柯尔克孜自治乡东图沟山沟公路边岩石壁上(42°37.096′N, 80°34.880′E), 无水乙醇浸泡, –20 ℃保存于新疆大学生命科学与技术学院陆生贝类实验室。

标本贝壳呈卵圆形, 壳厚, 不透明, 黄棕色, 壳面大部由于角质层脱落呈灰白色, 有 3.00~3.25 个螺层; 壳高 18.00~23.14 mm, 壳宽 11.78~17.06 mm; 壳口高 13.64~18.64 mm, 壳口宽 9.84~12.80 mm。壳顶钝圆。胚螺层光滑, 无螺纹。体螺层增长迅速, 壳面粗糙, 螺纹粗、稀疏。缝合线深。壳口卵圆形, 口缘完整、连续。无脐孔(图 1)。

1.2　方法

1.2.1　DNA 提取及高通量测序

剪取腹足肌肉约 30 mg, 用动物 DNA 组织提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]提取基因组 DNA。DNA 样品送至上海天昊生物有限公司进行质量检测和文库构建, 质检合格的文库片段在 Illumina Hiseq 平台, 用 2×150 双端测序策略进行序列测定。

收稿日期: 2021-10-22; 修回日期: 2022-03-07

基金项目: 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2020D01C043)

[Foundation: Science and Technology Planning Project of Xinjiang Uygur Autonomous Region, No. 2020D01C043]

作者简介: 马蕊(1998—), 女, 回族, 青海西宁人, 硕士, 主要从事贝类系统分类学研究, E-mail: 13119761810@163.com; 张卫红(1968—), 通信作者, 主要从事贝类系统分类学研究, E-mail: zwh6879a@163.com

图 1　实验标本生态照片
Fig. 1　An experimental specimen

1.2.2　序列处理及分析

用 FASTP 软件去除原始序列中的低质量序列, 包括长度低于 100 bp, N 超过 3, 3′端碱基质量低以及高质量碱基(Phred score≥20)占比小于 60%的序列。质控后的序列以腐败琥珀螺(Genbank No. JN627206)的线粒体基因组作为参考, 用 MetaSPAdes 软件输入双端数据进行基因组组装。使用 Geneious R11.0 软件修正组装结果, 分析碱基组成情况; 使用 MITOS Webserver 在线平台注释线粒体基因组, 预测 tRNA 二级结构[10]; 使用 CondonW 软件分析密码子使用情况; 使用 OGDRAW 在线平台绘制基因结构图[11]。

从 GenBank 中选取腹足纲 9 个物种的线粒体全基因组序列(表 1), 用 MEGA X 软件进行多序列比对, 选用最佳模型 GTR(general time reversible model), 步长检验设定为 1 000 次, 以新腹足目 Neogastropoda, 塔螺科 Turridae 的 *Lophinotoma cerithiformis* 作为外群[7], 基于 13 个蛋白质编码基因构建最大似然法(maximum likeli-hood, ML)系统发育树[12]。

表 1　腹足纲部分种类线粒体基因组序列 GenBank 登录号
Tab. 1　GenBank accession numbers of the mitochondrial genome sequences of some Gastropoda species

科	种	GenBank 登录号
Pleurobranchidae	*Berthellina ilisima*	DQ991929
Chromodoridae	*Chromodoris magnifica*	DQ991931
Acteonidae	*Pupa strigosa*	AB028237
Ellobiidae	*Myosotella myosotis*	AY345053
Onchidiidae	*Onchidlla celtica*	AY345048
Succineidae	*Succinea putris*	JN627206
Succineidae	*Oxyloma wujiaquensis*	MT670402
Succineidae	*Omalonyx unguis*	MT449229
Turridae	*Lophiotoma cerithiformis*	DQ284754

2　结果

2.1　基因组结构

实验样本经 Illumina Hiseq 2 500 测序共获得 25 406 852 条原始序列, 质控后获得 23 358 662 条序列, 对其进行拼接获得昭苏琥珀螺一未知种线粒体全基因组(GenBank No. OL681899), 长度 14 219 bp, 为一闭合双链 DNA 分子(图 2)。全基因组由 37 个基因组成, 包括 13 个蛋白质编码基因(protein coding genes, PCGs), 22 个 tRNA 基因, 2 个 rRNA 基因和 1 个控制区。昭苏琥珀螺未知种线粒体全基因组 A、T、G、C 碱基的含量分别为 33.79%、42.64%、12.75%、10.82%, 与琥珀螺科已知 3 种腐败琥珀螺、五家渠尖缘螺和 *Omalonyx unguis* 相似, 均具有明显的 AT 偏向性(腐败琥珀螺线粒体全基因组长度 14 092 bp, AT 含量为 77.1%、GC 含量 22.9%; 五家渠尖缘螺线粒体全基因组长度 14 086 bp, AT 含量为 75.6%、GC 含量为 24.3%; *Omalonyx unguis* 线粒体全基因组长度 13 984 bp, AT 含量为 77.5%、GC 含量为 22.5%)(表 2)。

昭苏琥珀螺未知种的基因排列顺序与同科的腐败琥珀螺、五家渠尖缘螺和 *Omalonyx unguis* 存在差异。腐败琥珀螺、五家渠尖缘螺和 *Omalonyx unguis* 的 *tRNA-Tyr* 和 *tRNA-Trp* 基因位于 *tRNA-Ser2* 和 *tRNA-Ser1* 之间, 而昭苏琥珀螺未知种的上述两个基因位于 *COX2* 和 *tRNA-Gly* 之间。

2.2　基因组组成

昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组序列中存在 21 处基因间隔, 最长的位于 *tRNA-Leu2* 与 *ATP8* 之间, 长度 141 bp; 存在 12 处基因重叠, 最长的位于 *NAD5* 与 *NAD1* 之间, 长度 16 bp。基因组中有 24 个基因位于正链, 13 个基因位于负链(表 3)。

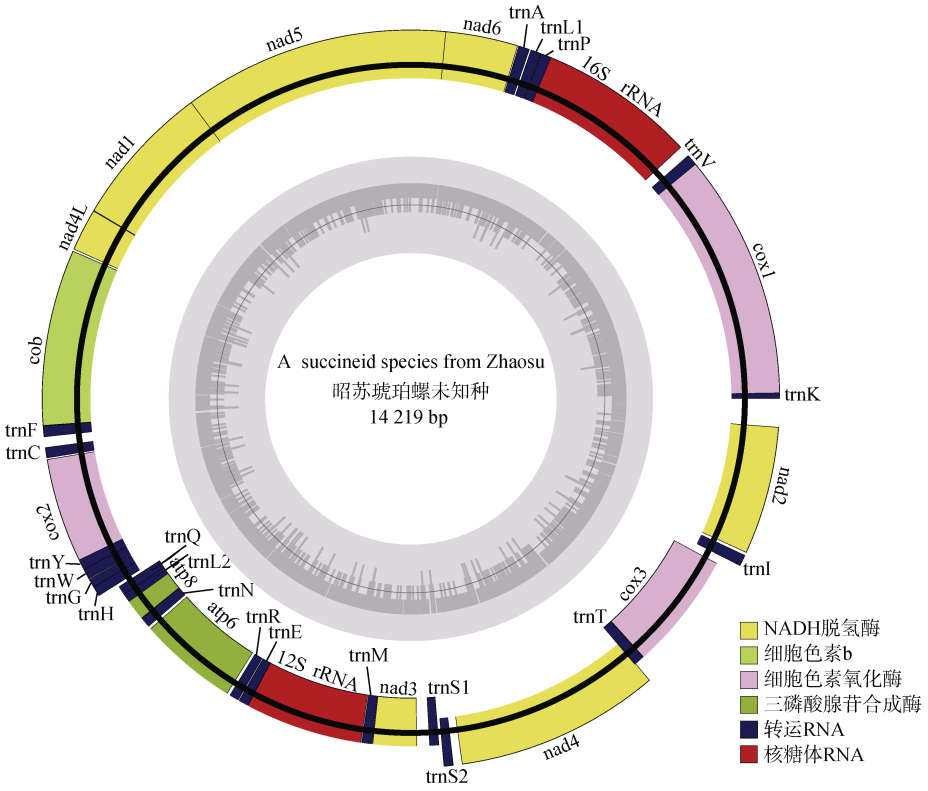

图 2　昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组结构

Fig. 2　Circular map of the mitochondrial genome of the succineid species from Zhaosu

表 2　四种琥珀螺线粒体基因组碱基组成及偏向性

Tab. 2　Nucleotide composition and skewness of the complete mitogenome of four species of Succineidae

琥珀螺科基因序列		全基因组序列	蛋白质编码基因	tRNA 基因	rRNA 基因	H 链编码基因	J 链编码基因
昭苏琥珀螺未知种	长度/bp	14 219	10 415	1 373	1 759	3 279	10 498
	AT%	76.43	75.13	77.64	78.59	76.54	74.86
	GC%	23.57	24.97	22.36	21.41	23.45	25.14
	AT 偏移	–0.12	–0.21	–0.06	–0.03	–0.01	–0.05
	GC 偏移	0.08	0.08	0.12	0.09	0.11	0.03
腐败琥珀螺	长度/bp	14 092	10 830	1 406	1 775	3 307	10 593
	AT%	77.00	78.04	78.74	76.58	77.06	76.94
	GC%	23.00	21.96	21.26	23.42	22.94	23.06
	AT 偏移	–0.11	–0.21	–0.04	–0.04	–0.11	–0.19
	GC 偏移	0.06	0.04	0.15	0.05	0.03	0.08
五家渠尖缘螺	长度/bp	14 086	10 713	1 554	1 819	3 242	10 526
	AT%	75.64	75.41	75.96	76.75	73.97	75.90
	GC%	24.36	24.59	24.04	26.25	26.03	24.10
	AT 偏移	–0.11	–0.19	0.03	0.01	–0.07	–0.17
	GC 偏移	0.04	0.04	0.05	0.13	0.04	0.06
Omalonyx unguis	长度/bp	13 984	10 786	1 414	1 784	3 332	10 652
	AT%	77.45	76.7	78.6	80.3	76.6	77.6
	GC%	22.55	23.3	21.4	19.7	23.4	22.4
	AT 偏移	–0.14	0.04	–0.04	–0.08	0.09	–0.20
	GC 偏移	0.06	0.05	0.01	0.05	–0.004	0.08

注: AT 偏移 = (A–T) /(A + T); GC 偏移 = (G–C) /(G + C)

表 3　昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组组成
Tab. 3　Mitogenome organization of the succineid species from Zhaosu

基因	位置	长度/bp	方向	起始密码子	终止密码子	反密码子	间隔或重叠/bp
COX1	33-1 560	1 528	+	TTG	TAA		0
tRNA-Val	1 561-1 631	71	+			TAC	67
16S rRNA	1 699-2 679	981	+				–5
tRNA-Pro	2 675-2 738	64	+			TGG	2
tRNA-Leu	2 741-2 806	66	+			TAG	9
tRNA-Ala	2 816-2 885	70	+			TGC	5
NAD6	2 891-3 343	493	+	ATT	TAG		10
NAD5	3 354-5 015	1 662	+	ATT	TAA		–16
NAD1	5 000-5 899	900	+	TTA	TAA		2
NAD4L	5 902-6 178	277	+	ATA	TAA		0
CYTB	6 179-7 276	1 098	+	ATG	TAA		0
tRNA-Phe	7 277-7 345	69	+			GAA	4
tRNA-Asp	7 350-7 410	60	+			GTC	0
tRNA-Cys	7 411-7 476	66	+			GCA	8
COX2	7 485-8 133	649	+	ATG	TAA		0
tRNA-Tyr	8 134-8 199	66	+			GTA	–7
tRNA-Trp	8 193-8 265	73	+			TCA	3
tRNA-Gly	8 269-8 334	66	+			TCC	–13
tRNA-His	8 322-8 385	64	+			GTG	19
tRNA-Gln	8 405-8 466	62	–			TTG	–9
tRNA-Leu2	8 458-8 522	65	–			TAA	13
ATP8	8 536-8 658	123	–	ATG	TAA		4
tRNA-Asn	8 663-8 728	66	–			TCG	19
ATP6	8 748-9 404	657	–	ATG	TAA		20
tRNA-Arg	9 425-9 488	64	–			TCG	5
tRNA-Glu	9 494-9 559	66	–			TTC	0
12SrRNA	9 560-10 339	780	–				4
tRNA-Met	10 344-10 413	70	–			CAT	2
NAD3	10 416-10 775	360	–	ATA	TAA		12
tRNA-Ser2	10 788-10 850	63	–			TGA	18
tRNA-Ser1	10 869-10 928	60	+			GCT	14
NAD4	10 943-12 254	1 312	+	ATG	TAA		–4
tRNA-Thr	12 251-12 323	73	–			TGT	2
COX3	12 326-13 105	780	–	ATA	T(AA)		54
tRNA-Ile	13 160-13 230	71	+			GAT	18
NAD2	13 249-14 175	927	+	ATT	TAA		15
tRNA-Lys	14 191-32	61	+			TTT	0

2.3 蛋白质编码基因

昭苏琥珀螺未知种 13 个蛋白质编码基因长度在 132 bp 到 1 635 bp 之间，总长 10 415 bp，其中 AT 含量为 75.13%, AT 偏移值为–0.21, GC 值偏移值为 0.08; 腐败琥珀螺 13 个蛋白质编码基因全长 10 830 bp, AT 含量为 78.04%, AT 偏移值为–0.21, GC 偏移值为 0.04; 五家渠尖缘螺 13 个蛋白质编码基因全长 10 678 bp, AT 含量为 75.64%, AT 偏移值为–0.11, GC 偏移值为 0.04; 三者蛋白质编码基因长度和 AT 含量差异不大，但五家渠尖缘螺 AT 偏移值较小。

昭苏琥珀螺未知种 13 个蛋白质编码基因中除了 *NAD1* 和 *COX1* 分别以 TAA、TTG 作为起始密码子，其余 11 个基因的为典型起始密码子 ATN; 除了 *NAD6* 和 *COX3* 分别以 TAG、T 作为终止密码子，其余 11 个基因的终止密码子为 TAA。昭苏琥珀螺未知种起始密码子的使用情况除 *CYTB* 和 *NAD1* 之外，其余 11 个基因与腐败琥珀螺和五家渠尖缘螺的相似; 终止密码子的使用也与二者存在一定差异，主要出现在 *NAD6*、*NAD1*、*NAD4L* 和 *COX3* 上。

昭苏琥珀螺未知种共编码 3 741 个密码子，其中密码子 AGA(Arg)、UUA(Leu)、AGU(Ser)等的使用次数较高(图 3)。腐败琥珀螺共编码 3 583 个密码子，五家渠尖缘螺共编码 3 571 个密码子，*Omalonyx unguis* 共编码 3 607 个密码子，三者使用次数较高的密码子均为 UUA (Leu) 、UUU(Phe) 、AUU(Ile)，与昭苏琥珀螺未知种有所不同。编码密码子数均不含终止密码子。

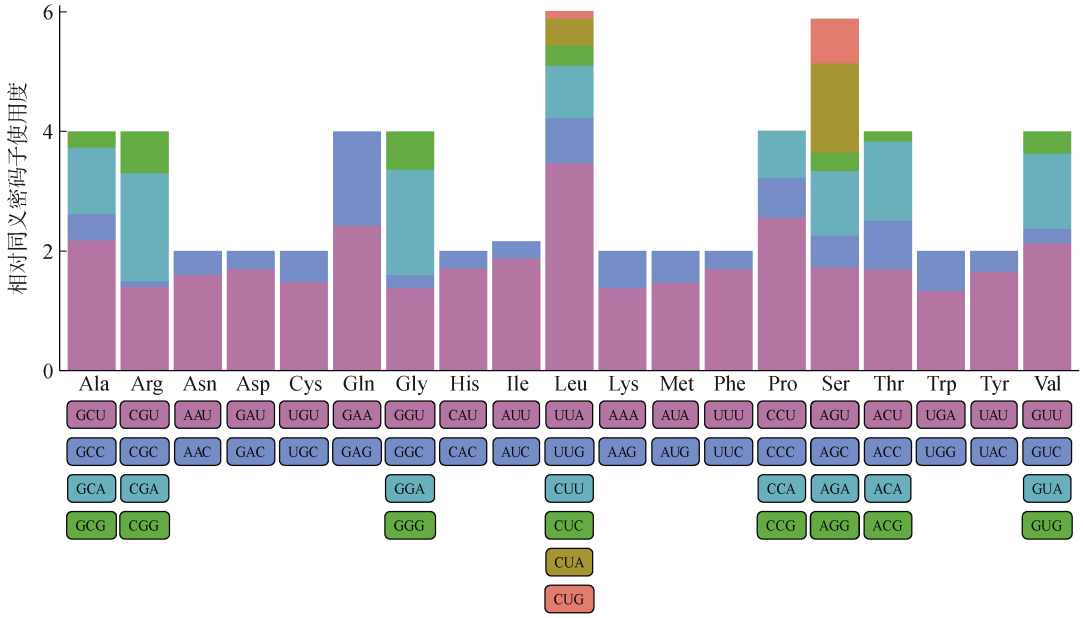

图 3 昭苏琥珀螺未知种蛋白编码基因同义密码子使用频率

Fig. 3 The relative synonymous codon usage of the PCGs for the succineid species from Zhaosu

2.4 tRNA、rRNA 基因及控制区

昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组中 22 个 tRNA 基因总长为 1 373 bp，各基因长度在 60 bp 到 73 bp 之间，其中 AT 含量为 77.64%, GC 含量为 22.36%。tRNA 基因二级结构中，*tRNA-Ser1* 和 *tRNA-Ser2* 基因缺少 DHU 臂，*tRNA-Ser1* 基因在缺失的 DHU 臂处有一小茎环结构，其他基因均形成经典的三叶草结构。大多数后生动物线粒体基因组中 *tRNA-Ser1* 基因缺 DHU 臂[13-14]。本文研究的 4 种琥珀螺中，昭苏琥珀螺未知种、腐败琥珀螺和五家渠尖缘螺的 *tRNA-Ser1* 和 *tRNA-Ser2* 基因均缺少 DHU 臂，而 *Omalonyx unguis* 仅 *tRNA-Ser2* 缺少 DHU 臂(图 4)，与大多数后生动物有所不同。

昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组中 rRNA 基因总长为 1 761 bp, AT 含量为 78.59%。*16S rRNA*(981 bp)位于 *tRNA-Val* 和 *tRNA-Pro* 之间，*12S rRNA*(780 bp)位于 *tRNA-Glu* 和 *tRNA-Met* 之间，基因位置与同科 3 个已知种一致。昭苏琥珀螺未知种线粒体基因组中有一段长度为 54 bp 的控制区，位于 *COX3* 与 *tRNA-Ile* 之间; 腐败琥珀螺中控制区长度 50 bp 位于 *NAD3* 与 *tRNA-Ser* 之间; 五家渠尖缘螺中控制区长度 42 bp，位于 *COX1* 和 *tRNA-Val* 之间，三者有所不同。

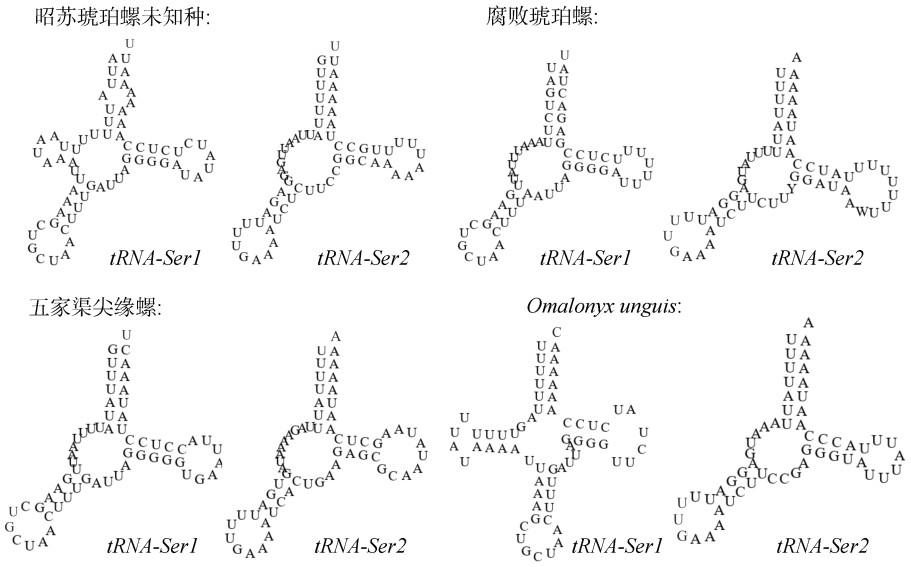

图 4　四种琥珀螺线粒体基因组 *tRNA-Ser* 二级结构预测图

Fig. 4　Predicted secondary structures of *tRNA-Ser* genes in the mitochondrial genome of four species of Succineidea

2.5　系统发育树

系统发生树(图 5)结果显示，后鳃亚纲的种类聚为一支，为单系群；肺螺亚纲为非单系群，与 White 等获得的系统发育分析结果一致[7]。琥珀螺科的四个种聚为一支，显示共同的起源，其中腐败琥珀螺与 *Omalonyx unguis* 的亲缘关系最近，而昭苏琥珀螺未知种位于琥珀螺科所在分支的最基部，关于它们的系统演化关系有待加入琥珀螺科更多种类的线粒体基因组数据进行分析。同源性比对结果显示，昭苏琥珀螺未知种与五家渠尖缘螺线粒体基因组的相似性为 75.8%，与腐败琥珀螺的相似性为 77.4%，与 *Omalonyx unguis* 的相似性为 78.7%，*Omalonyx unguis* 与腐败琥珀螺的相似性为 80.8%，腐败琥珀螺与 *Omalonyx unguis* 的相似性最高，与系统发育树结果一致。

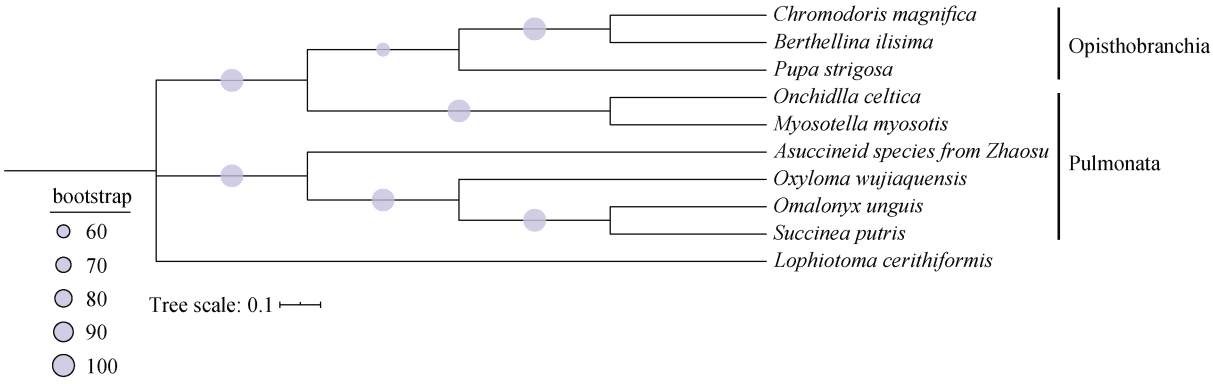

图 5　基于线粒体基因组蛋白质编码基因构建的最大似然树

Fig. 5　Maximum likelihood tree based on the protein-coding gene sequences of the mitochondrial genome

3　讨论

昭苏琥珀螺未知种目前已知仅在新疆昭苏县夏特乡有分布，生境为较干燥的山地环境。琥珀螺科的种类贝壳一般较小，壳高大多 1 cm 左右。昭苏琥珀螺未知种贝壳较大，壳高 2 cm 左右。杨吕娟在其硕士论文中对本文研究的昭苏琥珀螺未知种的形态解剖结构进行了描述，认为其阴茎结构与琥珀螺科已知属种存在明显差异，将其定为一新属新种 *Rosuccinea zhaosuensis*[15]。阿尔祖古丽·买买提吐尔逊在其硕士论文中进一步依据 *COI*、*ITS1* 和 *ITS2* 基因的分析，支持杨吕娟的结果[16]。

琥珀螺科目前已有 3 个种的线粒体全基因组被报道。本研究昭苏琥珀螺未知种的线粒体全基因组与三者相比差异较大。主要差异在于, 第一, 线粒体基因组基因排列顺序不同, 昭苏琥珀螺未知种的 *tRNA-Tyr* 和 *tRNA-Trp* 基因位于 *COX2* 和 *tRNA-Gly* 之间, 而腐败琥珀螺、五家渠尖缘螺和 *Omalonyx unguis* 的 *tRNA-Tyr* 和 *tRNA-Trp* 基因位于 *tRNA-Ser2* 和 *tRNA-Ser1* 之间; 第二, *tRNA-Ser1* 基因二级结构存在差异, 昭苏琥珀螺未知种在 *tRNA-Ser1* 基因缺失的 DHU 臂处有一小茎环结构。本研究系统发育树结果也显示, 昭苏琥珀螺未知种位于琥珀螺科所在分支的最基部, 未与其他三种琥珀螺中的任何一种单独聚为一支, 应当不属于这三种所在的属, 即不属于 *Oxyloma* Westerlund, 1885、*Succinea* Draparnaud, 1801 和 *Omalonyx* d'Orbigny, 1838(该属仅分布于美洲和加勒比群岛)。我国琥珀螺科共报道三个属, *Neosuccinea* Matekin, 1956、*Oxyloma* 和 *Succinea*, 其中 *Neosuccinea* 在新疆没有分布[4-6]。结合形态学数据, 昭苏琥珀螺未知种也不属于 *Neosuccinea* 属, 应为中国一未报道的属种。因为杨吕娟和阿尔祖古丽·买买提吐尔逊的研究结果尚未正式发表, 目前琥珀螺科线粒体全基因以及其他分子数据有限, 本文仍将所研究采自昭苏的蜗牛定为琥珀螺科一未知种。

4 结论

本研究获得新疆昭苏琥珀螺未知种线粒体全基因组序列, 对其碱基组成、基因排列顺序、各类基因的结构特征等进行了分析, 并与琥珀螺科已知 3 个种的线粒体全基因组序列进行了比较。结果显示, 四者基因组长度、碱基含量相似; 基因位置、蛋白质编码基因密码子使用情况、tRNA 基因二级结构、控制区的位置等存在一定差异, 其中昭苏琥珀螺未知种与其他三种的差异较大。昭苏琥珀螺未知种应为中国一未报道的属种, 但要确定其是否为一新属新种尚需更多的分子和形态数据。

参考文献:

[1] PATTERSON C M. Cytogenetics of gastropod mollusks[J]. Malacological Review, 1973, 6: 141-150.

[2] SCHIEYKO A A, LIKHAREV I M. Fauna, sistematika i filogeniya bespozvonochnykh zhivotnykh[M]. Moscow: Moskovskogo universiteta, 1986: 197-239.

[3] SCHILEYKO A A. Treatise on recent terrestrial pulmonate mollusks[M]. Moscow: Ruthenica, 2007: 2095-2099.

[4] 陈德牛, 高家祥. 中国琥珀螺属 Succinea 的研究[J]. 四川动物, 1985, 4(1): 34-37.
CHEN Deniu, GAO Jiaxiang. Studies on the genus of Chinese succinea[J]. Sichuan Journal of Zoology, 1985, 4(1): 34-37.

[5] ZHANG W H. Towards a revision of Chinese Succineidae: Comparative morphology two Succinea species from Xinjiang, northwestern China[J]. Molluscan Research, 2015, 35(2): 102-111.

[6] 李成有, 郭阳阳, 张卫红. 中国尖缘螺属一新种记述(柄眼目, 琥珀螺科)[J]. 海洋科学, 2017, 41(11): 130-133.
LI Chengyou, GUO Yangyang, ZHANG Weihong. A new species of Oxyloma from Xinjiang (Stylommatophora: Succineidae)[J]. Marine Sciences, 2017, 41(11): 130-132.

[7] WHITE T R, CONRAD M M, TSENG R, et al. Ten new complete mitochondrial genomes of pulmonates (Mollusca: Gastropoda) and their impact on phylogenetic relationships[J]. BMC Evolutionary Biology, 2011, 11(1): 1-15.

[8] 阿尔祖古丽·买买提吐尔逊, 张子俊, 张卫红. 五家渠尖缘螺线粒体基因组测序分析[J]. 华北农学报, 2021, 36(3): 230-238.
AERZUGULI Maimaitituerxun, ZHANG Zijun, ZHANG Weihong. Complete mitochondrial genome sequence of Oxyloma wujiaquensis Li, Guo & Zhang, 2017(Gastropoda: Succineidae)[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2021, 36(3): 230-238.

[9] GUZMAN L B, VOGLER R E, BELTRAMINO A A. The mitochondrial genome of the semi-slug Omalonyx unguis (Gastropoda: Succineidae) and the phylogenetic relationships within Stylommatophora[J]. PloS One, 2021, 16(6): 1-22.

[10] MATTHIAS B, ALEXANDER D, FRANK J, et al. MITOS: Improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2013, 69(2): 313-319.

[11] MARC L, OLIVER D, RALPH B. OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW): a tool for the easy generation of high-quality custom graphical maps of plastid and mitochondrial genomes[J]. Current Genetics, 2007, 52(5/6): 267-274.

[12] KUMAR S, STECHER G, LI M, et al. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms[J]. Molecular BIOLOGY and Evolution, 2018, 35(6): 1547-1549.

[13] WANG Y Z, JIN G H, ZHU J Y, et al. The mitochondrial genome of the garden pea leafminer Chromatomyia horticola (Goureau, 1851) (Diptera: Agromyzidae)[J]. Mitochondrial DNA Part A, DNA Mapping, Sequencing,

and Analysis, 2016, 27(4): 2653-2655.
[14] LAVROV D V, BROWN W M, BOORE J L. A novel type of RNA editing occurs in the mitochondrial tRNAs of the centipede Lithobius forficatus[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2000, 97(25): 13738-13742.
[15] 杨吕娟. 新疆山地环境琥珀螺比较形态解剖学研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学, 2019.
YANG lvjuan. Comparative morphology and anatomy on Succineidae in mountain environment from Xinjiang[D]. Urumqi: Xinjiang University, 2019.
[16] 阿尔祖古丽•买买提吐尔逊. 新疆琥珀螺科分子系统学研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学, 2020.
AERZUGULI Maimaitituerxun. The molecular phylogeny of Succineidae from Xinjiang[D]. Urumqi: Xinjiang University, 2020.

Complete mitochondrial genome of a succineid species from Xinjiang

MA Rui, AERZUGULI Maimaitituerxun, ZHANG Wei-hong
(Xinjiang Key Laboratory of Biological Resources and Genetic Engineering, College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi 830046, China)

Received: Oct. 22, 2021
Key words: Xinjiang; Succineidae; high-throughput sequencing; mitochondrial genome

Abstract: The complete mitochondrial genome of an unknown succineid species from Zhaosu, Xinjiang, was obtained using high-throughput sequencing technology. The mitochondrial genome of this species was 14, 219 bp in length with a high AT bias of 76.43%, containing 13 protein coding genes (PCGs), 22 tRNA genes, two rRNA genes and one control region. Most PCGs used ATG as the start codon and TAA as the stop codon. Among the tRNA genes, *tRNA-Ser1* and *tRNA-Ser2* lacked a DHU arm, and *tRNA-Ser1* had a small stem-loop structure at the location of the missing DHU arm. The control region was 58 bp in length and was located between *COX3* and *tRNA-Ile*. The complete mitogenome of *Succinea putris*, *Oxyloma wujiaquensis*, and *Omalonyx unguis* has been reported in the family Succineidae. The gene arrangement and structures of these three species were basically the same but different from the unknown species from Zhaosu. The *tRNA-Tyr* and *tRNA-Trp* genes of the species from Zhaosu were located between *COX2* and *tRNA-Gly*, while the two genes of the three species were located between *tRNA-Ser2* and *tRNA-Ser1*. The phylogenetic tree revealed that four species of Succineidae were clustered in one clade, suggesting a monophyletic group, whereas *Succinea putris* and *Omalonyx unguis* were more closely related than the other two species. The results of this study support that the succineid species from Zhaosu is an undescribed species in China. However, more molecular and morphological data are needed to determine whether this is a new genus and species.

(本文编辑: 杨 悦)