click虫（Chiagosnius vittiger，鞘翅目：Elateridae）线粒体的完整基因组和系统发育分析

Abstract

在这项研究中，我们使用下一代测序（NGS）方法确定了*喀喀* click虫*Chiagosnius vittiger*（海登，1887年）（GenBank登录号MN306531）的线粒体基因组完整序列。有丝分裂基因组的长度为15842 bp，由13个蛋白质编码基因（PCG），2个核糖体RNA基因（rRNA），22个转移RNA基因（tRNA）和一个非编码控制区组成。总核苷酸组成分别为41.6％A，31.1％T，16.9％C和10.4％G，AT为72.7％。基因排列与典型的昆虫线粒体基因组一致。系统发育分析表明，*C. vittiger*聚成一个分支*Chiagosnius sulcicollis*高引导支持。

ate科（Elateridae）俗称click虫，约有10,000种（Johnson 2002）。Chiagosnius vittiger，在前胸骨中间有深褐色的椭圆形标记，主要分布在中国南部和东亚（Jiang and Wang 1999）。在这里，我们确定的完整线粒体基因组C. vittiger，这是在属的测序迄今第二线粒体基因组Chiagosnius Fleutiaux，和第一个是Chiagosnius sulcicollis（Wang等人2019）。

样本标本于2018年5月从中国海南剑峰岭国家级自然保护区（北纬18°44′，东经108°54′）采集。标本存放在商洛大学昆虫学标本室（优惠券号CO- 2018229）。线粒体DNA的完整序列通过Illumina HiSeq 2500测序系统（Illumina，圣地亚哥，加利福尼亚，美国）确定。使用MITObim版本1.7（https://github.com/chrishah/MITObim）（Hahn等人，2013），总共获得了5.6 G原始读取，质量修剪和组装。

的完整的线粒体基因组C. vittiger是总长度15842 bp和与登录号MN306531存放在GenBank数据库。总体碱组成为41.6％A，31.1％T，16.9％C和10.4％G，A + T比为72.7％。完整的线粒体基因组包含13个蛋白质编码基因（PCG），22个转移RNA（tRNA），两个核糖体RNA（rRNA）和一个假定的控制区（CR）。发现vitviter的基因安排与大多数昆虫线粒体基因组相似（Wolstenholme 1992）。除无性腺线粒体PCG（ATN）和nad1（TTG）和cox1的起始密码子外，大多数C. vittiger的PCG具有常规的起始密码子。还没决定。大多数PCG以终止密码子TAA或TAG终止，而cox2，cox3和nad5以不完整的密码子T结尾。九个PCG编码在多数链（J链）和四个（nad5，nad4，nad4L和nad1）在少数链（N链）上。除了trnS1以外，所有22个tRNA基因都可以折叠成典型的苜蓿叶结构，在该结构中，二氢尿苷（DHU）臂不能形成稳定的茎环结构，而是简单的环。两个rRNA基因（rrnL和rrnS）位于trnL1 / trnV和trnV/控制区，两个rRNA基因均编码在N链上。vittiger中的两个rRNA基因（rrnL和rrnS）的长度分别约为1283和736 bp，A + T含量分别为78.7％和75.9％。调控区长度为1230 bp，该区的AT含量高达81.9％。

系统进化树是通过RaxmlGUI版本1.5（http://sourceforge.net/projects/raxmlgui/）（Silvestro和Michalak 2012）使用最大似然法构建的。结果表明，家庭叩甲是单系属Chiagosnius Fleutiaux是姐姐Melanotus Eschlscholtz（图1），这与以前的研究相一致（Lin等人。2018 ;孟等人。2018 ;王等人。2019）。结论是，我们获得并描述了维氏梭菌的完整线粒体基因组，为该物种的种群遗传研究和鉴定工作提供了宝贵而有用的资源。

图1.基于从RaxML推断的13个线粒体蛋白质编码基因序列的系统发生关系。分支上的数字是引导程序值（BV）。