

赵婉清,李巧,李莹,等.猎蝽科昆虫线粒体基因组的比较研究[J].江苏农业科学,2022,50(12):34-41.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.12.006

# 猎蝽科昆虫线粒体基因组的比较研究

赵婉清,李巧,李莹,杨柳,郑茜之,张虎芳

(忻州师范学院生物系,山西忻州 034000)

**摘要:**线粒体基因组是系统发育常用的分子标记,本研究旨在对猎蝽科昆虫的线粒体基因组进行比较研究,着重分析基因重排、碱基组成、密码子使用偏好性等特征,并构建基于 13 个蛋白编码基因的系统发育关系。在 GenBank 数据库下载猎蝽科 11 亚科 30 属代表物种的线粒体基因组序列,通过 Geneious 8.0.4 抽提各编码基因的序列。利用 MEGA 7.0 统计碱基组成、氨基酸和核苷酸序列信息位点、起始密码子、终止密码子、相对密码子使用频率(RSCU)等序列基本信息。另外,利用 DnaSP 6.0 计算蛋白编码基因的非同义替换率( $K_a$ )和同义替换率( $K_s$ ),并通过  $K_a/K_s$  值比较基因的核苷酸进化速率。通过 jModelTest 选择进化模型,在 MrBayes 3.2.2 软件中构建基于贝叶斯法(BI)的系统发育树。结果表明:猎蝽科线粒体基因组均呈共线性结构,没有发现大面积的基因重排现象,只有部分序列中 *rns* 和 *trnT* 基因编码方向与原始序列编码方向相反,*trnR* 和 *cytb* 基因出现多拷贝的现象。猎蝽科线粒体最常使用 ATN 起始密码子和 TAA 终止密码子。BI 系统发育树对猎蝽科各亚科之间的关系进行了一定的解析,光猎蝽亚科(Ectrichodiinae)和猎蝽亚科(Reduviinae)为并系群,真猎蝽亚科(Harpactorinae)和锥猎蝽亚科(Triatominae)为单系群。本研究为猎蝽科昆虫的线粒体基因组进行了比较分析,为后续研究该科系统发生关系奠定了科学基础。

**关键词:**猎蝽科;线粒体基因组;比较基因组学;系统发育;分子标记;基因重排;碱基组成;密码子使用偏好性

**中图分类号:**S433.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)12-0034-08

线粒体具有独立的基因组,且在真核生物细胞内广泛存在。线粒体基因组结构简单、排列紧密、进化速率较快、能够独立复制、编辑效率高,是系统

发育进化、种群遗传学、生物地理学等常用的标记基因<sup>[1-3]</sup>。随着生物测序技术的迅速发展,GenBank 数据库中的昆虫线粒体基因组序列越来越多,为昆虫线粒体的比较分析以及分子系统学研究提供了新的方向和依据。昆虫线粒体基因组一般包括 37 个编码基因(13 个蛋白编码基因、22 个 tRNA 基因和 2 个 rRNA 基因)和一段控制区<sup>[4]</sup>。对近缘物种进行比较线粒体基因组学研究可以为物种的分类和系统发育关系奠定理论依据。

收稿日期:2021-11-23

基金项目:山西省高等学校科技创新项目(编号:2019L09841);忻州师范学院院级科研基金(编号:2018KY04)。

作者简介:赵婉清(1989—),女,山西灵石人,博士,主要从事昆虫分子系统学研究。E-mail:zhaowanqing@vip.163.com。

通信作者:张虎芳,博士,教授,主要从事昆虫分子系统学研究。E-mail:zh\_hufang@sohu.com。

种的筛选[C]//屈冬玉,陈伊里.2018 年中国马铃薯大会(马铃薯产业与脱贫攻坚)。哈尔滨:中国作物学会马铃薯专业委员会,2018:249-251。

[62]王喜刚,郭成瑾,张丽荣,等.宁夏马铃薯主栽品种对黑痣病的抗性鉴定[J].植物保护,2018,44(3):190-196。

[63]许丽婷,陈佳欣,李欢欢,等.生防菌 XC-1 的筛选、鉴定及其对马铃薯黑痣病的防效研究[J].植物病理学报,2021,51(3):413-422。

[64]李扬凡,邵美琪,刘畅,等.解淀粉芽孢杆菌 HMB33604 的抑菌物质及对马铃薯黑痣病的防治效果[J].中国农业科学,2021,54(12):2559-2569。

[65]朱明明,张岱,赵冬梅,等.马铃薯黑痣病生防芽孢杆菌的筛选与鉴定[J].江苏农业科学,2018,46(14):97-101。

[66]董爱菊,邱慧珍,魏茹云,等.类芽孢杆菌 QHZ11 对马铃薯黑痣

病的生防效果[J].微生物学通报,2021,48(11):4087-4099。

[67]安婧婧,沈瑞清.立枯丝核菌拮抗青霉菌筛选及抑菌机制初步研究[J].西北农业学报,2015,24(12):159-163。

[68]郝文胜,赵永秀,张永丰,等.应用玉米核糖体失活蛋白基因改善马铃薯对立枯丝核菌抗性[J].分子植物育种,2017,15(6):2200-2206。

[69]M'Hamdi M, Chikh - Rouhou H, Boughalleb N, et al. Ribosome inactivating protein of barley enhanced resistance to *Rhizoctonia solani* in transgenic potato cultivar 'Desirée' in greenhouse conditions[J]. Biotechnologie Agronomie Societe et Environnement, 2013, 17(1):20-26。

[70]蒋继志,吴素玉,赵丽坤.非生物因子诱导马铃薯块茎对立枯丝核菌的抗性[J].河北大学学报(自然科学版),2005,25(2):167-172。

猎蝽科 (Reduviidae) 隶属于半翅目 (Hemiptera) 异翅亚目 (Heteroptera), 广布于世界各地, 种类较多, 是异翅亚目中的一个大科<sup>[5]</sup>。该科多为捕食性昆虫, 某些种类可以捕食褐飞虱、草地贪夜蛾、斜纹夜蛾、烟青虫等害虫, 是农林业中重要的天敌昆虫, 对该科昆虫的研究具有一定的科学和经济意义<sup>[6-9]</sup>。猎蝽科世界已知 6 000 余种, 我国记录 13 个亚科 400 余种<sup>[5]</sup>。以往对猎蝽科系统发育的研究主要是基于少量分子数据, 而对线粒体基因组的研究较少<sup>[10]</sup>。

本研究选取猎蝽科 11 亚科 30 属的代表物种, 进行该科线粒体基因组的比较分析和系统发育研究。对线粒体基因组的排列、碱基组成、序列信息

位点、密码子使用情况等进行比较分析, 并基于贝叶斯法 (Bayesian inference, BI) 构建猎蝽科的系统发育关系。

1 材料与方法

1.1 序列获取

本研究选取猎蝽科 11 亚科 30 属的代表物种进行研究, 通过 NCBI 中的 GenBank 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 下载获得线粒体序列, 详细的序列信息见表 1。

1.2 数据分析

利用 Geneious 8.0.4<sup>[11]</sup> 软件从线粒体基因组序

表 1 本研究所用序列信息

科	亚科	物种	GenBank 登录号	序列长度 (bp)	
猎蝽科 (Reduviidae)	新猎蝽亚科 (Centrocnemidinae)	横脊新猎蝽 ( <i>Neocentrocnemis stali</i> )	KC887530	15 066	
	光猎蝽亚科 (Ectrichiinae)	<i>Brontostoma colossus</i>	KM044501	16 625	
		黑光猎蝽 ( <i>Ectrychotes andreae</i> )	KC887528	14 141	
		海南杆螭猎蝽 ( <i>Ischnobaenella hainana</i> )	KC887525	13 977	
		真猎蝽亚科 (Harpactorinae)	多氏田猎蝽 ( <i>Agriosphodrus dohrni</i> )	HM071001	16 470
			结股角猎蝽 ( <i>Macracanthopsis nodipes</i> )	KP795058	16 201
			云斑瑞猎蝽 ( <i>Rhynocoris incertis</i> )	KY069966	15 707
			轮刺猎蝽 ( <i>Scipinia horrida</i> )	KY069967	15 660
			环斑猛猎蝽 ( <i>Sphedanolestes impressicollis</i> )	KC887536	15 076
			黄带犀猎蝽 ( <i>Sycanus croceovittatus</i> )	MT535605	15 644
		盗猎蝽亚科 (Peiratinae)	黑脂猎蝽 ( <i>Velinus nodipes</i> )	KY069961	15 904
	盗猎蝽亚科 (Peiratinae)	日月盗猎蝽 ( <i>Peirates arcuatus</i> )	KF752445	16 176	
		伐猎蝽 ( <i>Phalantus geniculatus</i> )	MF806068	16 759	
		黄足直头猎蝽 ( <i>Sirthena flavipes</i> )	HQ645959	15 961	
		Physoderinae	<i>Physoderes impexa</i>	KC887534	14 834
	猎蝽亚科 (Reduviinae)	淡带荆猎蝽 ( <i>Acanthaspis cincticus</i> )	KY069958	15 686	
	猎蝽亚科 (Reduviinae)	淡斑虎猎蝽 ( <i>Inara alboguttata</i> )	KY069959	15 436	
		双色背猎蝽 ( <i>Reduvius gregoryi</i> )	KY069969	16 477	
		褐平腹猎蝽 ( <i>Tapeinus singularis</i> )	KY069960	15 312	
		盲猎蝽亚科 (Saicinae)	中褐盲猎蝽 ( <i>Polytoxus fuscovittatus</i> )	KC887535	14 026
		飒猎蝽亚科 (Salyavatinae)	小锤脛猎蝽 ( <i>Valentia hoffmanni</i> )	FJ456952	15 625
		细足猎蝽亚科 (Stenopodainae)	短斑猎蝽 ( <i>Canthesancus helluo</i> )	KY069968	15 743
			双环普猎蝽 ( <i>Oncocephalus breviscutum</i> )	KC887527	15 948
		椎猎蝽亚科 (Triatominae)	<i>Meccus pallidipennis</i>	MT556659	15 564
			<i>Triatoma barberi</i>	MT556655	16 434
			<i>Rhodnius pictipes</i>	MF497699	15 908
	<i>Panstrongylus rufotuberculatus</i>		NC_042682	16 331	
	<i>Eratyrus mucronatus</i>		MT556648	15 766	
	<i>Dipetalogaster maximus</i>		MT556654	15 518	
	绒猎蝽亚科 (Tribelocephalinae)		<i>Opistoplatys</i> sp.	KC887533	15 615
	臭虫科 (Cimicidae)	温带臭虫 ( <i>Cimex lectularius</i> )	NC030043	15 217	

列中抽提出各编码基因,再利用 SequenceMatrix<sup>[12]</sup>串联成所需的数据集。对序列进行比对时,蛋白编码基因需将核苷酸序列转换为氨基酸序列,保存比对后的核苷酸序列;RNA 基因直接进行比对后保存核苷酸矩阵序列。在 SequenceMatrix 中分别将蛋白编码基因串联成 13 个蛋白编码基因 (protein-coding genes, PCGs)、重链编码的蛋白编码基因 (PCGs - J) 和轻链编码的蛋白编码基因 (PCGs - N) 3 个数据集。在 MEGA 7.0<sup>[13]</sup> 中统计碱基组成和序列信息位点,并计算同义密码子相对使用频率 (RSCU)。在 DnaSP 6.0<sup>[14]</sup> 软件中计算蛋白编码基因的非同义替换率 (nonsynonymous substitution rate,  $K_a$ ) 和同义替换率 (synonymous substitution rate,  $K_s$ ),进而统计每个基因的核苷酸进化速率,即  $K_a/K_s$  值。为了探究猎蝽科昆虫的系统发育关系,选取臭虫科 1 种温带臭虫 (*Cimex lectularius*) 作为外群,基于 13 个蛋白编码基因构建贝叶斯系统发育树。BI 发育树在 MrBayes 3.2.2<sup>[15]</sup> 中运行计算,运行 10 000 000 代,每 1 000 代抽样 1 次,舍去收敛前的样本。利用 jModelTest<sup>[16]</sup> 预测进化模型,预测结果为 GTR + I + G 模型。

## 2 结果与分析

### 2.1 线粒体基因组全序列的结构

截至 2021 年 10 月,GenBank 共收录了猎蝽科 11 亚科 30 属的昆虫线粒体基因组序列 110 条,为研究该科昆虫的比较线粒体基因组学研究奠定了良好基础。与半翅目其他昆虫类似,猎蝽科线粒体基因组共 37 个编码基因,其中 13 个蛋白编码基因、22 个 tRNA 基因和 2 个 rRNA 基因,还包括一段非编码控制区。线粒体基因组长度范围为 13 977 ~

16 759 bp,最长的是伐猎蝽 (*Phalantus geniculatus*),最短的是海南杆螬猎蝽 (*Ischnobaenella hainana*)。

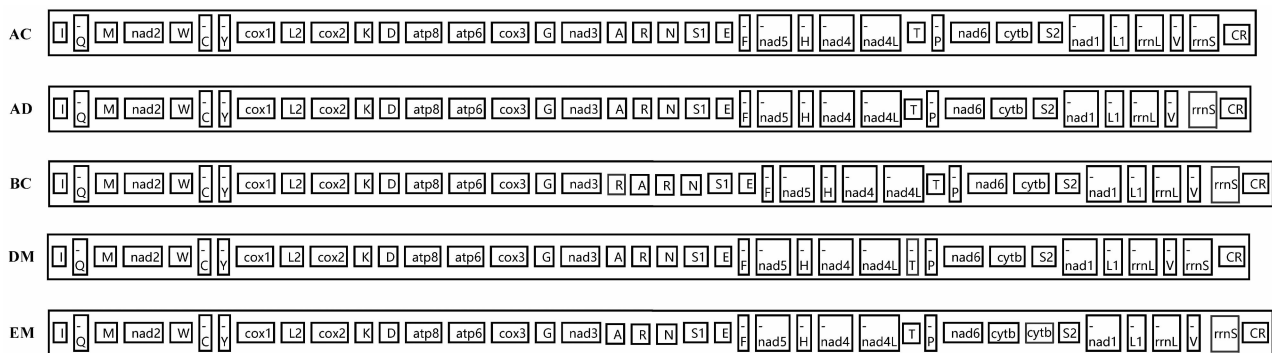
### 2.2 基因重排现象

猎蝽科 30 属代表物种的线粒体基因组均呈共线性结构,没有发现大面积的基因重排现象。通过依次比较 30 条线粒体基因组,对个别出现重排的序列结构进行了比较作图分析。由图 1 可知, *Agriosphodrus dohrni* 和 *Brontostoma colossus* 线粒体基因组中 *rrnS* 基因编码方向与原始序列编码方向相反; *Dipetalogaster maximus* 线粒体基因组中 *trnT* 基因编码方向与原始序列编码方向相反;猎蝽 *Brontostoma colossus* 线粒体基因组中 *trnR* 基因有多拷贝现象,形成 *trnR - trnA - trnR* 的排列方式; *Eratyrus mucronatus* 线粒体基因组中 *cytb* 出现多拷贝现象。

### 2.3 碱基组成和序列信息位点分析

已测得的猎蝽科昆虫线粒体基因组的碱基组成具有明显的 AT 偏倚性,且 AT 含量最高的是 *Polytoxus fuscovittatus* (77.8%),最低的是 *Panstrongylus rufotuberculatus* (68.1%)。对 A、T、G、C 各碱基的组成进行比较发现,所有猎蝽科昆虫中碱基 A 的含量均高于 T 的含量,AT-skew 均大于 0 (0.09 ~ 0.19); G 的含量均高于 C 的含量,GC-skew 均小于 0 (-0.27 ~ -0.12)。

对 13 个蛋白编码基因的碱基组成进行分析,结果如图 2、图 3 所示。*atp8* 的 (A + T) 含量最高 (75.54%),*cox1* 的 (A + T) 含量最低 (65.75%)。位于 J 链的蛋白编码基因 (PCGs - J), (A + T) 含量为 69.93%,且碱基 A 与 T 的含量相同,GC-skew 为 -0.15。位于 N 链的蛋白编码基因 (PCGs - N), (A + T) 含量为 74.57%,AT-skew 为 -0.37,



AC—*Acanthaspis cincticrus*; AD—*Agriosphodrus dohrni*; BC—*Brontostoma colossus*; DM—*Dipetalogaster maximus*; EM—*Eratyrus mucronatus*

图1 猎蝽科昆虫线粒体基因组重排

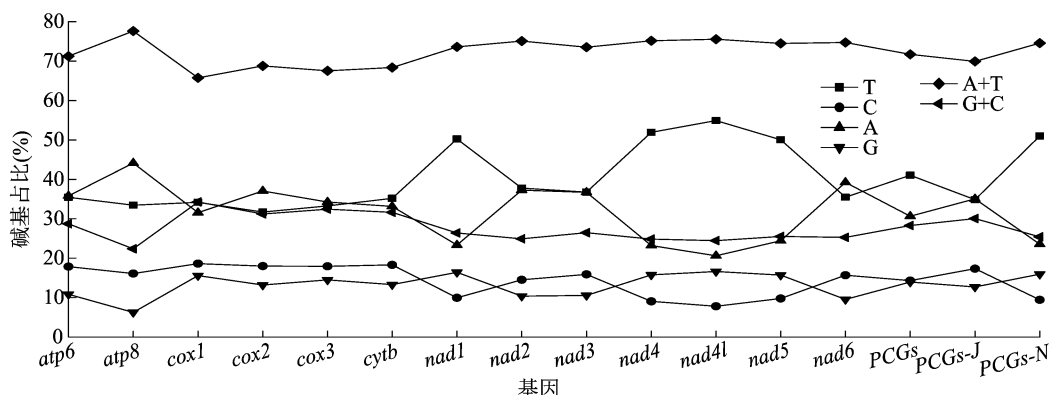


图2 碱基组成分析

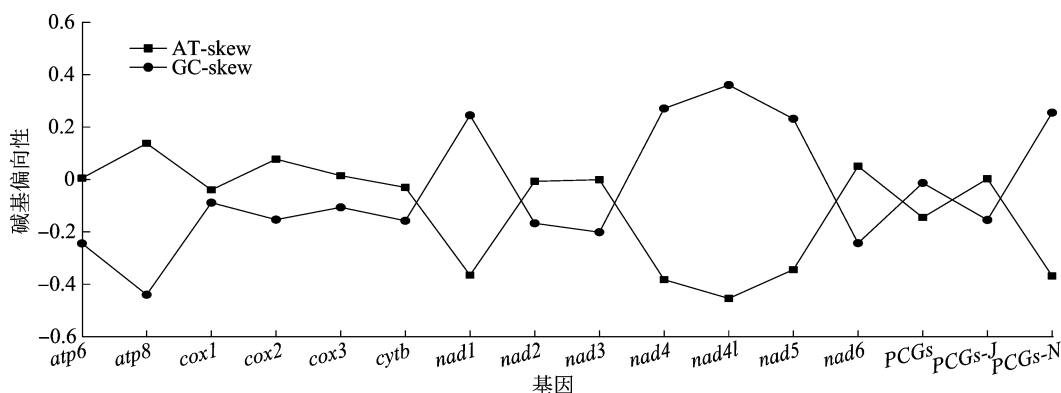


图3 AT skew 和 GC skew

GC-skew 为 0.26。

13 个蛋白编码基因的核苷酸和氨基酸序列的信息位点分析结果见图 4 和图 5。*cox1* 的保守性在核苷酸和氨基酸序列中均较高 (47.63% 和 63.98%), 而 *atp8* 基因的保守性较差 (14.03% 和

9.20%)。蛋白编码基因的核苷酸串联序列中, 保守位点有 3 624 个, 变异位点有 7 527 个, 简约信息位点有 6 362 个。在氨基酸串联序列中, 保守位点有 387 个, 变异位点有 3 303 个, 简约信息位点有 3 007 个。

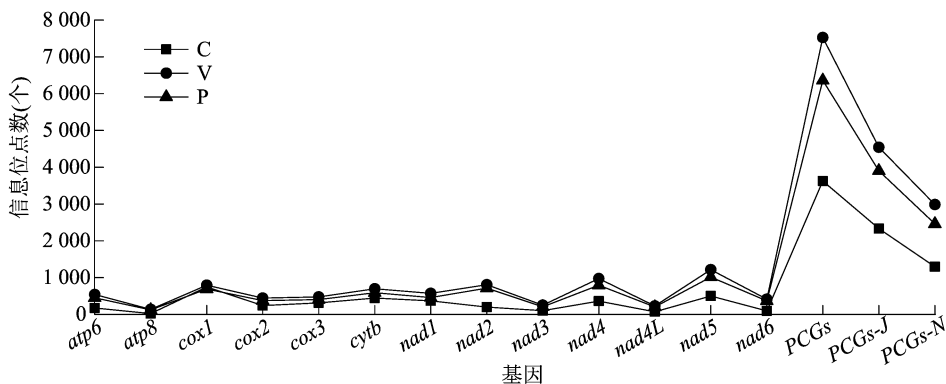


图4 核苷酸序列的保守位点(C)、变异位点(V)和简约信息位点(P)

## 2.4 密码子使用情况

在猎蝽科线粒体蛋白编码基因中, 最常使用 ATN 起始密码子, 但也有一些特殊情况, 如 *nad1*、*nad4L* 和 *nad5* 也会使用 GTG 和 TTG 为起始密码子。在 ATN 起始密码子中, ATG 的使用频率较高,

如 *atp6* 和 *nad4* 的起始密码子全部为 ATG (图 6)。对于终止密码子的使用, 密码子 TAA 的使用频率最高, TA 的使用频率最低。在 *cox1*、*cox2*、*cox3* 和 *nad5* 中, 以 T 结尾的情况较多 (图 7)。

本研究统计了相对密码子使用频率 (RSCU),

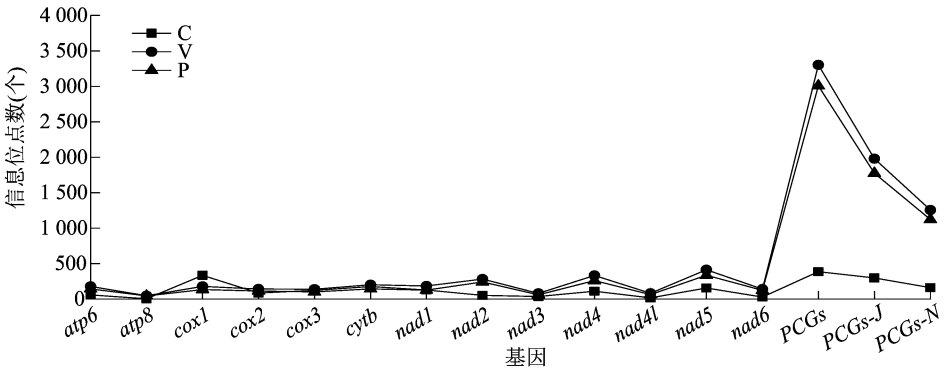


图5 氨基酸序列的保守位点(C)、变异位点(V)简约信息位点(P)

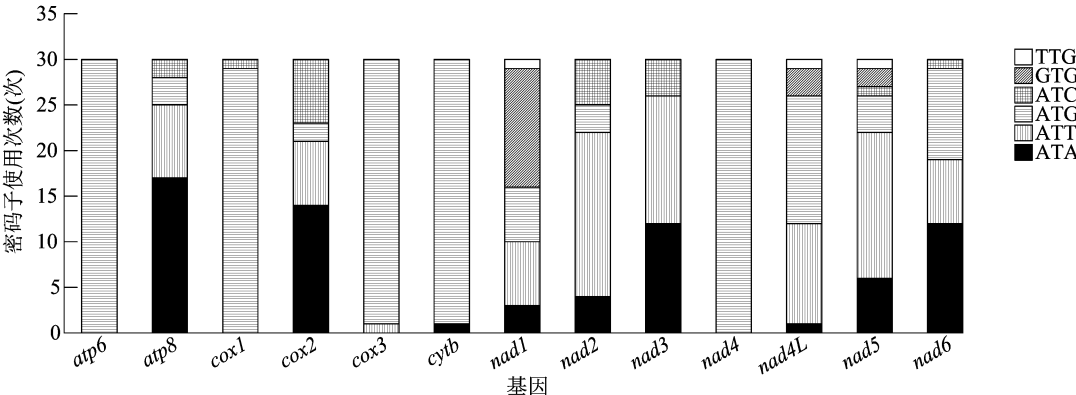


图6 起始密码子的使用情况

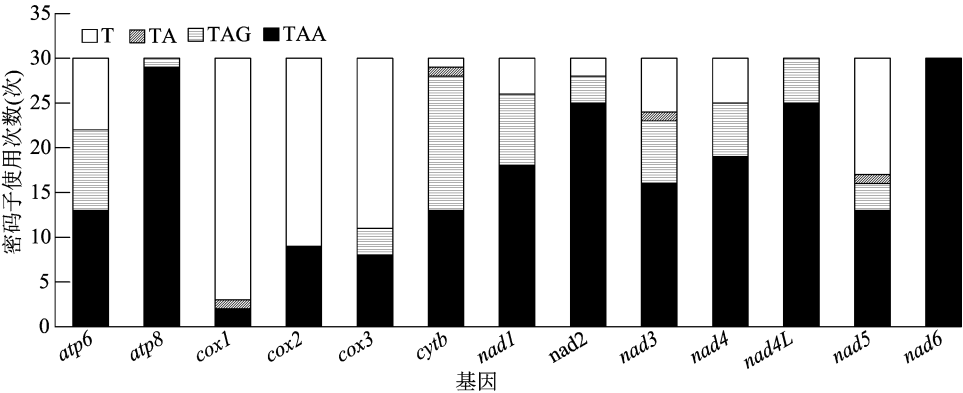


图7 终止密码子的使用情况

使用频率较高的密码子为 UUA (L)、GUU (V) 和 UAU (Y),使用频率相对较低的为 CCG (P)、CUC (L)和 CUG (L)(表2)。在同义密码子中,第3位以 A/U 结尾的密码子比 G/C 结尾的密码子使用频率高。

2.5 蛋白质编码基因进化速率

蛋白编码基因的核苷酸  $K_a$ 、 $K_s$  及  $K_a/K_s$  值的统计结果见图8。所有基因的  $K_a/K_s$  值均小于1,表明受到了纯化选择的作用。其中,atp8 的进化速率最快,cox1 的进化速率最慢,具体的排列顺序为 atp8 > nad4L > nad6 > nad4 > nad3 > nad5 > atp6 > cox2 >

nad1 > nad2 > cox3 > cytb > cox1。

2.6 系统发育分析

以臭虫科作为外群,基于13个蛋白编码基因序列构建了猎蝽科30属的BI系统发育树(图9)。结果表明,猎蝽科各亚科的关系得到了一定的解析,该科基部分支为盲猎蝽亚科(Saicinae),光猎蝽亚科(Ectrichodiinae)和猎蝽亚科(Reduviinae)为并系群,真猎蝽亚科(Harpactorinae)和锥猎蝽亚科(Triatominae)为单系群。锥猎蝽亚科(Triatominae)和细足猎蝽亚科(Stenopodinae)为姐妹群关系,盗猎蝽亚科(Peiratinae)和新猎蝽亚科(Centrocnemidinae)

表 2 猎蝽科线粒体基因组的密码子使用频率

氨基酸	密码子	次数	RSCU	氨基酸	密码子	次数	RSCU
Phe(F)	UUU(F)	303	1.52	Tyr(Y)	UAU(Y)	218	1.60
	UUC(F)	96	0.48		UAC(Y)	55	0.40
Leu(L)	UUA(L)	166	2.21	His(H)	CAU(H)	59	1.39
	UUG(L)	74	0.98		CAC(H)	26	0.61
	CUU(L)	97	1.29	Gln(Q)	CAA(Q)	46	1.38
	CUC(L)	29	0.39		CAG(Q)	21	0.62
	CUA(L)	56	0.74	Asn(N)	AAU(N)	201	1.56
	CUG(L)	30	0.39		AAC(N)	56	0.44
Ile(I)	AUU(I)	236	1.58	Lys(K)	AAA(K)	89	1.31
	AUC(I)	62	0.42		AAG(K)	47	0.69
Met(M)	AUA(M)	102	1.23	Asp(D)	GAU(D)	44	1.47
	AUG(M)	64	0.77		GAC(D)	16	0.53
Val(V)	GUU(V)	69	1.94	Glu(E)	GAA(E)	46	1.36
	GUC(V)	16	0.44		GAG(E)	44	1.47
	GUA(V)	37	1.06	Ala(A)	GCU(A)	20	1.40
	GUG(V)	20	0.56		GCC(A)	14	0.98
Ser(S)	UCU(S)	65	1.35	GCA(A)	18	1.29	
	UCC(S)	36	0.76		GCG(A)	5	0.34
	UCA(S)	59	1.22	Cys(C)	UGU(C)	64	1.30
	UCG(S)	14	0.28		UGC(C)	34	0.70
	AGU(S)	50	1.05	Trp(W)	UGA(W)	60	1.03
	AGC(S)	41	0.85		UGG(W)	34	0.70
	AGA(S)	54	1.12	Arg(R)	CGU(R)	14	1.21
	AGG(S)	66	1.38		CGC(R)	7	0.64
Pro(P)	CCU(P)	41	1.55		CGA(R)	13	1.10
	CCC(P)	30	1.13	CGG(R)	12	1.05	
	CCA(P)	29	1.08	Gly(G)	GGU(G)	24	0.97
	CCG(P)	6	0.24		GGC(G)	15	0.58
Thr(T)	ACU(T)	58	1.44		GGA(G)	33	1.33
	ACC(T)	38	0.94		GGG(G)	28	1.11
	ACA(T)	49	1.22	UAA( *)	136	1.40	
	ACG(T)	16	0.40	UAG( *)	59	0.60	

注:Phe表示苯丙氨酸;Leu表示亮氨酸;Ile表示异亮氨酸;Met表示甲硫氨酸;Val表示缬氨酸;Ser表示丝氨酸;Pro表示脯氨酸;Thr表示苏氨酸;Tyr表示酪氨酸;His表示组氨酸;Gln表示谷氨酰胺;Asn表示天冬酰胺;Lys表示赖氨酸;Asp表示天冬氨酸;Glu表示谷氨酸;Ala表示谷氨酸;Cys表示半胱氨酸;Trp表示色氨酸;Arg表示精氨酸;Gly表示甘氨酸。

为姐妹群关系。

3 讨论与结论

一直以来,果蝇(*Drosophila yakuba*)的线粒体基因组是公认的昆虫线粒体基因组的原始排列方式<sup>[17]</sup>。共线性分析结果显示,猎蝽科昆虫线粒体基因组的排列方式比较保守,大多数与原始排列方式一致,只存在少数基因重排现象,以基因编码方向

与原始序列编码方向相反和基因多拷贝现象为主。其中,*rrnS*和*trnT*基因的编码方向出现与原始序列编码方向相反的情况,*trnR*和*cytb*基因均多拷贝了1次。

猎蝽科线粒体基因组长度范围为13 977 ~ 16 759 bp,具有明显的AT偏倚性,A + T含量为68.1% ~ 77.8%,且碱基A的含量均高于T,碱基G的含量均高于C。13个蛋白编码基因中,*coxI*的保

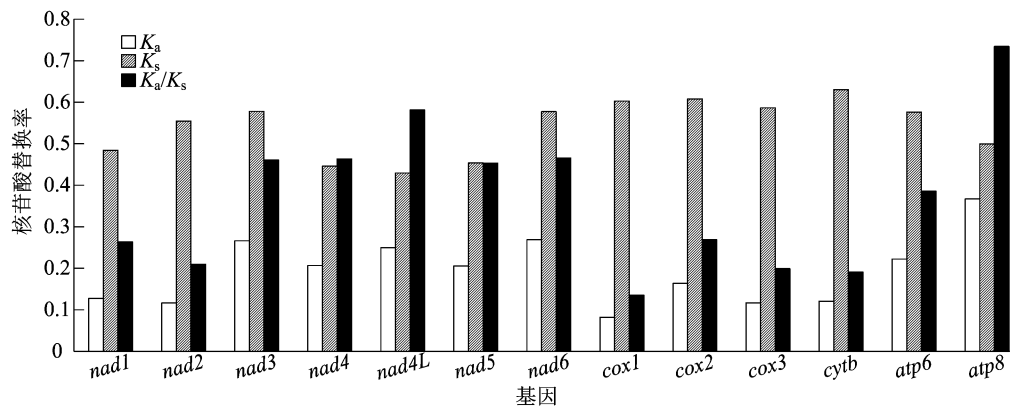


图8 猎蝽科昆虫蛋白编码基因同义替换率及非同义替换率

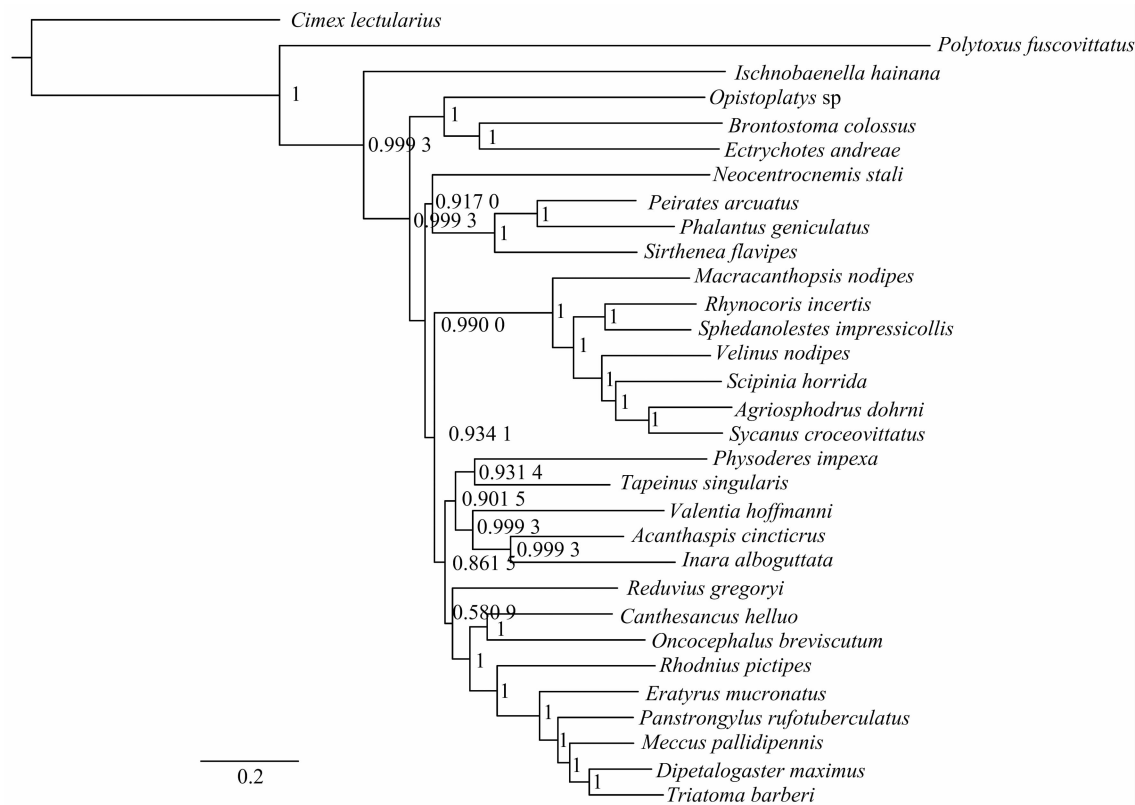


图9 基于 13 个 PCG 基因构建的猎蝽科系统发育树

守性较高,而 *atp8* 基因的保守性较差。同时,采用  $K_a/K_s$  值比较基因进化速率结果也表明, *atp8* 的进化速率最快, *cox1* 的进化速率最慢,与先前的相关研究结果<sup>[18]</sup>一致。13 个蛋白编码基因的  $K_a/K_s$  值均小于 1,可能是受到了纯化选择的作用<sup>[19]</sup>。

在密码子的使用上,除偏好使用的 ATN 起始密码子外,猎蝽科线粒体蛋白编码基因也会以 GTG 和 TTG 作为起始密码子。对于终止密码子来说,除完整的 TAA 和 TAG 密码子使用频率较高外,不完整的 TA 和 T 在猎蝽科蛋白编码基因中也很常见。这些不完整的终止密码子会在转录形成 mRNA 后转

变成完整的终止密码子<sup>[20]</sup>。同义密码子相对使用频率结果显示,以 A/U 结尾的密码子使用频率高于 G/C 结尾的,与昆虫线粒体基因组的高 AT 特性一致。

基于贝叶斯算法构建的 BI 系统发育树对猎蝽科各亚科的关系进行了一定的解析,结果显示猎蝽亚科为并系群,这与 Weirauch 选取 162 个形态特征对猎蝽科进行的支序系统学分析结果<sup>[21]</sup>,以及赵广宇采用 COI 基因构建的系统发育树结果<sup>[10]</sup>一致。本研究中真猎蝽亚科和锥猎蝽亚科为单系群,与 Carayon 等的研究结果<sup>[22]</sup>相同。绒猎蝽亚科和光猎

蝽亚科的姐妹群关系没有得到验证,与 2 个亚科线粒体基因组序列较少有很大关系。另外,由于猎蝽科昆虫的形态特征差异显著,尚无严格的分类系统,高级阶元间的关系非常混乱。随着猎蝽科被报道的线粒体基因组序列越来越多,系统发育的研究也将迎来新的进展。

本研究选取了猎蝽科 11 亚科 30 属的代表物种进行比较线粒体基因组学研究,对线粒体基因组的重排现象、碱基组成、密码子使用情况和蛋白编码基因的核苷酸进化速率进行分析,并基于 13 个蛋白编码基因构建了猎蝽科昆虫的 BI 系统发育树。猎蝽科线粒体基因组呈共线性结构,没有发现大面积的基因重排现象,只出现了极个别的多拷贝和基因编码方向与原始序列编码方向相反的现象。在蛋白编码基因中,*cox1* 的保守性最高,进化速率最慢;而 *atp8* 基因的保守性最差,进化速率最快。BI 系统发育树对猎蝽科各亚科的关系进行了一定的解析,为之后的系统进化研究奠定了一定的基础,但是由于该科昆虫本身差异显著、分类系统混乱,尚需进一步的深入探究。

#### 参考文献:

- [1] Zhao W Q, Zhao Q, Li M, et al. Comparative mitogenomic analysis of the *Eurydema* genus in the context of representative Pentatomidae (Hemiptera: Heteroptera) taxa[J]. Journal of Insect Science, 2019, 19(6): 20.
- [2] Cameron S L. Insect mitochondrial genomics: implications for evolution and phylogeny[J]. Annual Review of Entomology, 2014, 59: 95–117.
- [3] Jacobsen M W, da Fonseca R R, Bernatchez L, et al. Comparative analysis of complete mitochondrial genomes suggests that relaxed purifying selection is driving high nonsynonymous evolutionary rate of the *NADH2* gene in whitefish (*Coregonus* ssp.) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2016, 95: 161–170.
- [4] Wu Y F, Shi A X, Yang H L, et al. The complete mitochondrial genome of the assassin bug *Synanus croceovittatus* (Hemiptera: Reduviidae) [J]. Mitochondrial DNA (Part B Resources), 2020, 5(3): 2561–2562.
- [5] 黄 霞. 广西猎蝽科昆虫分类研究[D]. 桂林: 广西师范大学, 2007.
- [6] 侯峥嵘, 孙贝贝, 刘先建, 等. 大红犀猎蝽对草地贪夜蛾 3 龄幼虫捕食功能反应[J]. 植物保护学报, 2020, 47(4): 852–858.
- [7] 张 鑫. 红彩真猎蝽的饲养及其对褐飞虱的捕食作用研究[D]. 广州: 仲恺农业工程学院, 2017.
- [8] 苏湘宁, 邓海滨, 朱丹荔, 等. 红彩真猎蝽对斜纹夜蛾幼虫捕食行为及室内扩散能力的研究[J]. 中国烟草学报, 2016, 22(5): 111–119.
- [9] 邓海滨, 王 珍, 陈永明, 等. 红彩真猎蝽对斜纹夜蛾和烟青虫的捕食功能反应[J]. 广东农业科学, 2012, 39(13): 107–109.
- [10] 赵广宇. 猎蝽科昆虫条形码研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2014.
- [11] Kearse M, Moir R, Wilson A, et al. Geneious basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data [J]. Bioinformatics, 2012, 28(12): 1647–1649.
- [12] Vaidya G, Lohman D J, Meier R. SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and Codon information [J]. Cladistics, 2011, 27(2): 171–180.
- [13] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets [J]. Molecular Biology and Evolution, 2016, 33(7): 1870–1874.
- [14] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. Bioinformatics, 2009, 25(11): 1451–1452.
- [15] Ronquist F, Huelsenbeck J P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models [J]. Bioinformatics, 2003, 19(12): 1572–1574.
- [16] Posada D. jModelTest: phylogenetic model averaging [J]. Molecular Biology and Evolution, 2008, 25(7): 1253–1256.
- [17] 王丹阳, 王予彤, 于良斌, 等. 绿眼蕈茧蜂线粒体基因组全序列测定和分析 [J]. 昆虫学报, 2020, 63(8): 1028–1038.
- [18] Yuan M L, Zhang Q L, Guo Z L, et al. Comparative mitogenomic analysis of the superfamily Pentatomoidea (Insecta: Hemiptera: Heteroptera) and phylogenetic implications [J]. BMC Genomics, 2015, 16: 460.
- [19] Wang J, Zhang L, Zhang Q L, et al. Comparative mitogenomic analysis of mirid bugs (Hemiptera: Miridae) and evaluation of potential DNA barcoding markers [J]. PeerJ, 2017, 5: e3661.
- [20] Cao S Y, Wu X B, Yan P, et al. Complete nucleotide sequences and gene organization of mitochondrial genome of *Bufo gargarizans* [J]. Mitochondrion, 2006, 6(4): 186–193.
- [21] Weirauch C. Cladistic analysis of Reduviidae (Heteroptera: Cimicomorpha) based on morphological characters [J]. Systematic Entomology, 2008, 33(2): 229–274.
- [22] Carayon J, Usinger R L, Wygodzinsky P. Note on the higher classification of the Reduviidae, with the description of a new tribe of the Phymatinae [J]. Revue de Zoology et de Botanique Africaines, 1958, 57: 256–281.