

# 光滑异装蟹(*Heteropanope glabra*) 线粒体基因组测定 及其在系统发生研究中的意义

陈建琴<sup>1</sup>, 张振华<sup>1</sup>, 邢雨辉<sup>2</sup>, 姚文佳<sup>3</sup>, 张晨岭<sup>1</sup>, 尤 蕾<sup>1</sup>

(1. 江苏第二师范学院生命科学与化学化工学院 江苏省生物功能分子重点实验室, 江苏 南京 210013)

(2. 南京师范大学中北学院, 江苏 南京 210023)

(3. 南京师范大学生命科学学院, 江苏 南京 210023)

[摘要] 本文应用高通量测序方法首次测定了光滑异装蟹(*Heteropanope glabra*)的线粒体基因组全序列。测序研究发现,光滑异装蟹线粒体基因组全长为 16 008 bp,包含典型的蟹类线粒体基因组 37 条基因,结构紧凑;其碱基组成的 AT 含量为 70.3%;tRNA 二级结构中共有 8 处错配,且以 U/U 错配为主。对线粒体基因排列顺序的比较研究发现,光滑异装蟹独享一种新的基因排列模式;这种重排模式与同属毛刺蟹总科(Pilumnoidea)的蝙蝠毛刺蟹(*Pilumnus vespertilio*)相比有一个 *trnL2*(UUR)发生易位,它们彼此之间共享的 *nad1* 易位和 *trnL2*(UUR)倒位则提示二者具有最近共同祖先。这种共享的基因排列顺序为解析毛刺蟹总科(Pilumnoidea)与扇蟹总科(Xanthoidea)的进化关系,并支持将毛刺蟹类从扇蟹总科(Xanthoidea)划分出来提供了独立的分子佐证。

[关键词] 毛刺蟹总科,扇蟹总科,光滑异装蟹,线粒体基因组,系统发生

[中图分类号] Q959.223+.63 [文献标志码] A [文章编号] 1001-4616(2018)04-0108-07

## The Complete Mitochondrial Genome of *Heteropanope Glabra* and Implications in Phylogenetic Research

Chen Jianqin<sup>1</sup>, Zhang Zhenhua<sup>1</sup>, Xing Yuhui<sup>2</sup>, Yao Wenjia<sup>3</sup>, Zhang Chenling<sup>1</sup>, You Lei<sup>1</sup>

(1. Jiangsu Key Laboratory of Biofunctional Molecule, School of Life Sciences, Chemistry & Chemical Engineering,

Jiangsu Second Normal University, Nanjing 210013, China)

(2. College of Zhongbei, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

(3. School of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

**Abstract:** In this study, the mitochondrial genome of *Heteropanope glabra* was determined firstly by using high-throughput sequencing. The results indicated that the complete mitogenome of *H. glabra* was 16 008 bp in length, and contained 37 genes with homologues in other brachyuran mitochondrial genomes. The AT nucleotide content of complete mitogenome of *H. glabra* was 70.3%, the tRNA genes contained 8 unmatched base pairs and the major one was U/U. Comparative analyses of gene order of brachyuran mitogenomes revealed that *H. glabra* exhibits a novel mitogenomic arrangement pattern, this pattern differed from those found in *Pilumnus vespertilio* assigned to the same family Pilumnidae (Pilumnoidea) in a translocation of *trnL2*(UUR), but the shared both translocation of *nad1* and inversion of *trnL2*(UUR) suggested that they are derived from a common ancestor. The rearrangements shared by the two species of the Pilumnoidea differentiated with that found in the Xanthoidea, which consistent with that of brachyuran ground order. Present study provided an independent evidence that supported the separation of pilumnoid crab from Xanthoidea.

**Key words:** Pilumnoidea, Xanthoidea, *Heteropanope glabra*, mitochondrial genome, phylogeny

光滑异装蟹(*Heteropanope glabra* Stimpson, 1858) 隶属毛刺蟹总科(Pilumnoidea)、毛刺蟹科(Pilumnidae), 广泛分布于印度-西太平洋沿海, 生活在红树林泥滩潮间带的石块下或石缝中<sup>[1]</sup>。早期的形态分类

收稿日期: 2018-09-12.

基金项目: 江苏省自然科学基金(BK20171406)、江苏省高等学校自然科学基金(16KJB170002)、江苏省水产养殖项目(Y2016-29).

通讯联系人: 陈建琴, 副教授, 研究方向: 动物学、水生生物学. E-mail: jqchen1102@126.com

学研究根据成体的特征,将它归为扇蟹科的一个亚科,即毛刺蟹亚科(Pilumninae)<sup>[2-4]</sup>. Guinot 根据雄性生殖孔的位置将扇蟹科提升为扇蟹总科,将毛刺蟹亚科提升为毛刺蟹科,并发现该科相较于扇蟹总科其他科的物种具有更为进步的特征<sup>[5]</sup>. Serene 对扇蟹总科的分类进行了厘定,但仍将毛刺蟹科归为扇蟹总科<sup>[6]</sup>. 此后,随着比较形态学研究的逐步深入,雄性第一和第二腹肢的形态特征在科级阶元的界定和划分上起到重要的作用<sup>[7-9]</sup>. 根据毛刺蟹类特殊的雄性生殖器特征,即细长弯曲或纤细的第一腹肢及显著、短小的“S”形第二腹肢,将其另立为毛刺蟹总科<sup>[7-9]</sup>. 然而,因缺乏必要的佐证,人们对该总科与短尾类其他总科之间、以及该总科内部各科属之间的进化关系仍缺乏认识. 形态学特征在推导和构建不同类群之间的系统进化关系方面,很可能因趋同或平行进化的影响,其作用往往受到限制而难以反映各类群之间自然的进化关系<sup>[10]</sup>.

近年来,随着 DNA 测序技术的快速发展,分子标记技术成为解决短尾类内部系统进化关系争议的主要工具<sup>[11-14]</sup>. Tsang 等(2014)基于 6 个核蛋白编码基因及 2 个 rRNA 基因构建的短尾类分子系统发生关系提示,毛刺蟹总科的物种独立于扇蟹总科之外形成一个单独的分支,支持毛刺蟹总科的单系性<sup>[14]</sup>. 但是,该总科与其他科级阶元之间的系统发生关系仍不是十分明确,比如它与长脚蟹科的姐妹群关系尚未得到足够的支持. 在基于分子系统学推导和重建动物类群的进化关系方面,足够的分子信息和足够的分类单元是两个先决条件.

动物线粒体基因组在序列和基因排列顺序两个层面均蕴含着丰富的进化信息,被当作有效的分子工具运用到各类后生动物的系统发生研究中<sup>[15-16]</sup>. 应用线粒体基因组全序列数据,学者们对短尾类的系统发生关系进行了有益的探讨,为解决该类群内部各阶元的系统发生问题提供了必要的分子学依据<sup>[17-19]</sup>.

然而,迄今已知线粒体基因组的短尾类在科级阶元覆盖度上存在明显不均衡,主要涉及梭子蟹、方蟹和沙蟹 3 个总科<sup>[20]</sup>. 而毛刺蟹总科中已测定线粒体基因组全序列的仅有一种<sup>[20]</sup>. 为了深入了解毛刺蟹总科毛刺蟹科蟹类线粒体基因组的分子进化,并借此进一步解析毛刺蟹科内部、及其与其他近缘类群的系统进化关系,本文以光滑异装蟹为研究对象,应用高通量测序方法测定其线粒体基因组全序列,通过序列比对和比较研究,解析其线粒体基因组结构和基因排列顺序的进化特征. 研究结果为探讨毛刺蟹科属间的线粒体基因组进化提供了新证据;并为进一步探讨毛刺蟹总科内部、以及该类群与短尾类其他类群之间的进化关系提供了必要的线粒体基因组学信息.

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集与鉴定

研究样本光滑异装蟹采集于广西北海金海湾红树林,以 95%乙醇浸泡、置于-20 ℃保存. 样本的分类鉴定参考《中国海洋蟹类》<sup>[21]</sup>.

### 1.2 DNA 提取与测序

取 30 mg 样本组织,使用上海捷瑞公司生产的细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱型)提取总 DNA,用琼脂糖凝胶电泳法检测样品完整性、NanoDrop 2000 分光光度计检测样品浓度和质量,送公司进行测序.

### 1.3 序列组装和基因注释

以近缘物种的已知线粒体基因组全序列为参考,使用 Geneious 9.1.4 对 Illumina 测序数据集进行序列组装,获得重叠序列群. 通过与已公布的近缘物种线粒体基因组进行 BLAST 比对,对组装序列初步注释;通过与已公布的短尾类线粒体基因组蛋白编码基因序列比对,或使用相关基因的开放阅读框搜索引擎,即 NCBI ORF Finder (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) 进行查寻,对 13 条蛋白编码基因编码区域进行识别;通过在线查询工具 tRNAscan-SE<sup>[22]</sup> 和 MITOS 对 22 条 tRNA 基因和 2 条 rRNA 基因进行识别.

## 2 结果

### 2.1 光滑异装蟹线粒体基因组结构特点

研究结果显示,光滑异装蟹线粒体基因组全长为 16 008 bp,其碱基组成 AT 含量为 70.3% (35.0% A, 35.3% T, 19.0% C, 10.8% G);线粒体基因排列紧凑,并在一些相邻基因之间发生了碱基对的重叠. 其中,在 *trnLI-lrRNA* 基因之间重叠了 25 bp,在 *atp8-atp6* 和 *nad4-nad4L* 基因之间均重叠了 7 bp,在 *atp6-cox3*、

*trnF-nad5*、*nad6-cob* 和 *trnW-trnC* 基因之间均重叠了 1 bp. 主非编码区(*mNCR*)长度为 797 bp,位于 *nad1* 和 *trnI* 基因之间. 此外,在另一些相邻基因之间还存在长度不等的冗余序列或称基因间隔区. 其中,较长的基因间隔( $\geq 10$  bp) 分别位于 *cox1-cox2*、*trnK-trnD*、*trnA-trnR*、*trnE-trnH*、*nad5-nad4*、*trnS2-trnL1*、*trnL1-trnL2*、*srRNA-nad1*、*trnI-trnQ*、*trnQ-trnM* 等相邻基因的连接处. (表 1)

表 1 光滑异装蟹线粒体基因组特征  
Table 1 Mitogenomic features of *Heteropanope glabra*

Feature	From	To	Length	Codons Start	Codons Stop	IGN*
<i>cox1</i>	1	1 539	1 539	ATG	TAA	46
<i>cox2</i>	1 586	2 270	685	ATG	T	0
<i>trnK</i>	2 271	2 337	67			10
<i>trnD</i>	2 348	2 411	64			0
<i>atp8</i>	2 412	2 570	159	ATG	TAG	-7
<i>atp6</i>	2 564	3 238	675	ATT	TAA	-1
<i>cox3</i>	3 238	4 027	790	ATG	T	5
<i>trnG</i>	4 033	4 098	66			0
<i>nad3</i>	4 099	4 452	364	ATT	TAA	2
<i>trnA</i>	4 455	4 523	69			11
<i>trnR</i>	4 535	4 597	63			0
<i>trnN</i>	4 598	4 665	68			1
<i>trnS1</i> (AGN)	4 667	4 733	67			0
<i>trnE</i>	4 734	4 802	69			21
<i>trnH</i> <sup>#</sup>	4 824	4 890	67			3
<i>trnF</i> <sup>#</sup>	4 894	4 957	64			-1
<i>nad5</i> <sup>#</sup>	4 957	6 684	1 728	ATG	TAA	58
<i>nad4</i> <sup>#</sup>	6 743	8 075	1 332	ATG	TAG	-7
<i>nad4L</i> <sup>#</sup>	8 069	8 371	303	ATG	TAA	2
<i>trnT</i>	8 374	8 438	65			0
<i>trnP</i> <sup>#</sup>	8 439	8 502	64			2
<i>nad6</i>	8 505	9 011	507	ATG	TAA	-1
<i>cob</i>	9 011	10 145	1 135	ATG	T	0
<i>trnS2</i> (UCN)	10 146	10 210	65			120
<i>trnL1</i> (CUN) <sup>#</sup>	10 330	10 396	67			22
<i>trnL2</i> (UUR) <sup>#</sup>	10 420	10 484	65			-25
<i>lrRNA</i> <sup>#</sup>	10 460	11 802	1 343			0
<i>trnV</i> <sup>#</sup>	11 803	11 876	74			0
<i>srRNA</i> <sup>#</sup>	11 877	12 704	828			118
<i>nad1</i> <sup>#</sup>	12 823	13 758	936	ATA	T	0
<i>mNCR</i>	13 759	14 555	797			0
<i>trnI</i>	14 556	14 622	67			11
<i>trnQ</i> <sup>#</sup>	14 634	14 702	69			25
<i>trnM</i>	14 728	14 796	69			0
<i>nad2</i>	14 797	15 805	1 009	ATG	TAA	1
<i>trnW</i>	15 807	15 874	68			-1
<i>trnC</i> <sup>#</sup>	15 874	15 939	66			0
<i>trnY</i> <sup>#</sup>	15 940	16 007	68			1

\* IGN: intergenic nucleotide; negative numbers indicate that adjacent genes overlap.  
# Indicates the gene is encoded on the opposite strand.

13 条蛋白编码基因中有 4 条基因(*nad5*、*nad4*、*nad4L*、*nad1*) 在轻链编码,9 条基因(*cox1-3*、*nad2*、*nad3*、*nad6*、*atp6*、*atp8*、*cob*) 在重链编码. 蛋白编码基因密码子构成具有以下特点:大多数蛋白编码基因的起始密码子为常见三联体密码子 ATN,*atp6*、*nad3* 的起始密码子为 ATT,*nad1* 的起始密码子为 ATA;大多数蛋白编码基因的终止密码子为 TAA 或 TAG,*cox2*、*cox3*、*nad1* 和 *cob* 的终止密码子均为单个碱基 T. 蛋白编码基因 AT 含量为 67.9%, 碱基组成存在差异,*atp8*AT 含量最高,为 77.4%,*cox1*AT 含量最低,为 62%. (表 1)

22 条 tRNA 基因的长度和结构如图 1 所示. tRNA 的长度在 63 bp~74 bp 之间,平均长度约为 67

— 110 —

bp. 大多数 tRNA 的二级结构能形成三叶草结构,氨基酸接受臂长度为 7 bp,*trnK* 与 *trnL1* 发生了 C/U 错配,*trnM* 发生了 U/U 错配;二氢尿嘧啶(DHU)臂长度为 3 bp~4 bp(*trnS1* 长度为 1 bp),*trnC* 上发生了 A/A 错配;反密码子臂长度为 5 bp,*trnH* 与 *trnD* 发生了 U/U 错配;T $\psi$ C 臂长度为 4 bp~5 bp(*trnD* 为 3 bp),*trnC* 与 *trnT* 上发生了 U/U 错配。

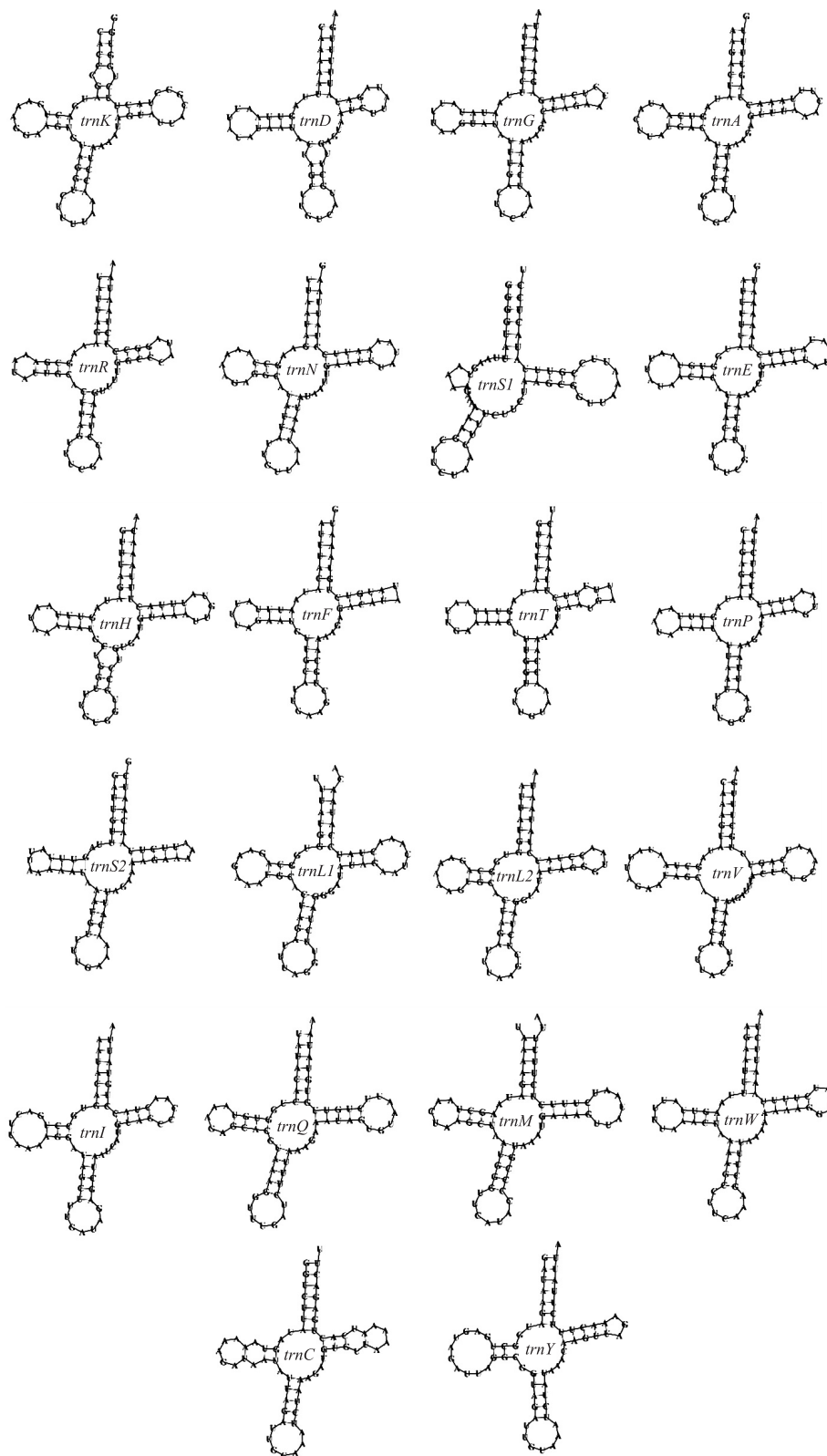


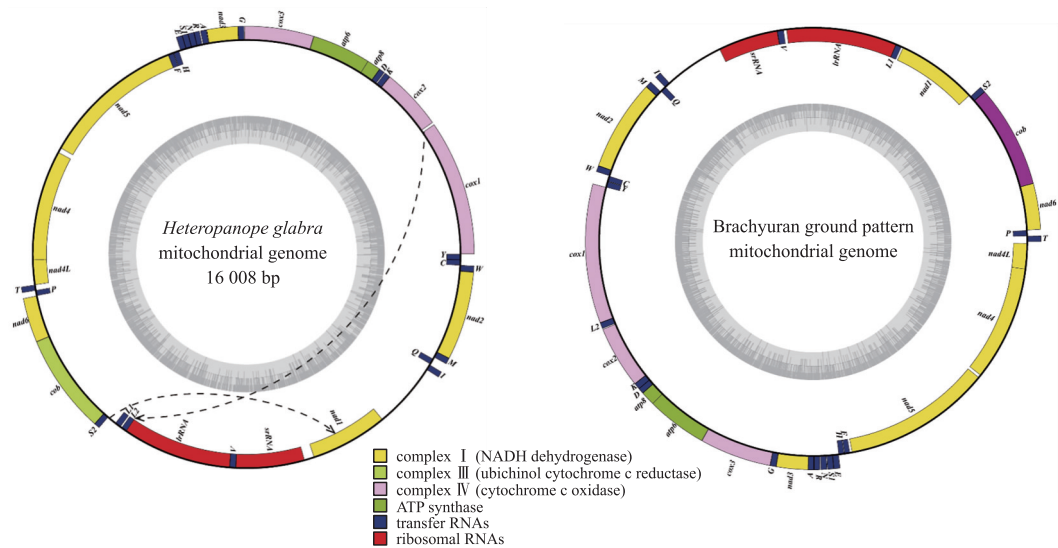
图1 光滑异装蟹 22 条 tRNA 二级结构

Fig. 1 22 tRNA secondary structures of *Heteropanope glabra*

主非编码区长度为 797 bp, 位于 *nad1* 和 *trnI* 之间; 碱基组成 AT 含量为 77.7% (37.5% T、40.2% A、14.6% C、7.8% G); 保守结构域两端为一高变区, 主要由 [TA]<sub>n</sub>、[TAC]<sub>n</sub>、[TAG]<sub>n</sub>、[TAT]<sub>n</sub>、[TAA]<sub>n</sub>、[TTT]<sub>n</sub>、[AAA]<sub>n</sub> 等元件复合而成.

2.2 光滑异装蟹线粒体基因组排列顺序

对比短尾类线粒体基因组原始的基因排列, 光滑异装蟹线粒体基因组发生了重排, *trnL2* (UUR) 发生了倒位和易位, 从 H 链 *cox1-cox2* 基因间转移到 L 链 *trnL1-lrRNA* 基因间; *nad1* 发生了易位, 从 *trnS2-trnL1* (CUN) 基因间转移到 *srRNA-mNCR* 基因间, 其线粒体全基因组的基因排列顺序为: *cox1-cox2-trnK-trnD-atp8-atp6-cox3-trnG-nad3-trnA-trnR-trnN-trnS1* (AGN)-*trnE-trnH-trnF-nad5-nad4-nad4L-trnT-trnP-nad6-cob-trnS2* (UCN)-*trnL1* (CUN)-*trnL2* (UUR)-*lrRNA-trnV-srRNA-nad1-mNCR-trnI-trnQ-trnM-nad2-trnW-trnC-trnY*, 具体如图 2 所示.



左图为光滑异装蟹线粒体基因组结构, 右图为短尾类祖先类型的线粒体基因组结构

图 2 光滑异装蟹线粒体基因组结构图

Fig. 2 Mitogenomic maps of *Heteropanope glabra*

3 讨论

3.1 光滑异装蟹线粒体基因组组成特点

本研究获得的光滑异装蟹线粒体基因组全长 16 008 bp, 与已测定的短尾类线粒体基因组长度 (15 kb ~ 16 kb) 相类似, 其碱基组成的 AT 含量 (70.3%) 相较于大多数短尾类的 AT 含量 (66.3% ~ 74.9%) 有些许偏高<sup>[23]</sup>. 光滑异装蟹线粒体基因组共存在 43 个重叠碱基对, 这种重叠被认为具有防止基因顺序发生重排或防止基因在进化中发生丢失的作用<sup>[24]</sup>. 蛋白编码基因起始密码子全为 ATN, 终止密码子以 TAA、TAG 为主, 兼有不完整的单个碱基 T 作为终止密码子, 已有研究表明这种不完整的终止密码子可通过 mRNA 成熟过程中多聚腺苷酸化作用补齐、转变为完整的终止密码子<sup>[25]</sup>. 22 个 tRNA 中共存在 8 处错配, 其中 *trnH*、*trnD*、*trnC*、*trnT*、*trnM* 为 U/U 错配, *trnC* 为 A/A 错配, *trnK* 与 *trnL1* 为 C/U 错配. 一般认为这种错配现象会在 RNA 编辑 (RNA-editing) 机制中被修正<sup>[26]</sup>. 研究还发现主非编码区 AT 含量为 77.7%, 远高于线粒体基因组整体水平.

3.2 光滑异装蟹线粒体基因组重排分析

线粒体基因组的一个典型特征是基因排列保守性<sup>[27-29]</sup>, 其基因排列模式可作为特定谱系和分类群的共衍生性状, 并为系统发生关系假说提供支持<sup>[20]</sup>. 分析已公布的短尾类物种线粒体基因组全序列发现, 短尾类线粒体基因组存在着 13 种基因排列模式<sup>[20]</sup>. 与短尾类原始的线粒体基因排列顺序相比<sup>[16]</sup>, 光滑异装蟹的 *trnL2* (UUR) 从 H 链 *cox1-cox2* 基因之间转移到 L 链, 位于 *trnL1* (CUN)-*lrRNA* 基因之间; 同时, *nad1* 也发生了易位, 从 *trnS2-trnL1* 基因之间转移到 *srRNA-mNCR* 基因之间. 这种重排模式与毛刺蟹总科、毛刺蟹科、毛刺蟹属的蝙蝠毛刺蟹相比<sup>[20]</sup>, 二者仅在 *trnL2* 易位的位置上存在差异, 后者的 *trnL2* 发生倒位、并

易位到 *trnS2* (*UCN*)-*trnL1* 基因之间. 由此可见,光滑异装蟹的线粒体基因组独享一种新的基因排列模式. 研究发现的毛刺蟹科异装蟹属与毛刺蟹属这两个属间共享的 *nad1* 易位和 *trnL2* (*UUR*) 倒位也进一步提示,二者具有一个最近共同祖先. 二者之间的 *trnL2* (*UUR*) 易位很可能是由重复随机丢失引起的<sup>[30]</sup>.

比较已知的短尾类线粒体基因组排列顺序可以发现,扇蟹总科的代表物种其线粒体基因组排列与短尾类原始的排列顺序一致<sup>[20]</sup>. 本研究发现的毛刺蟹科光滑异装蟹线粒体基因组的基因重排,与该科蝙蝠毛刺蟹的线粒体基因组重排为解析毛刺蟹总科与扇蟹总科的进化关系提供了新的分子佐证. 该结果从线粒体基因顺序的共衍生性状上提出了支持将毛刺蟹类从扇蟹总科划分出来的独立证据.

线粒体基因组可以在 DNA 序列和基因排列两个方面为系统发生重建和进化关系推导提供重要的分子证据. 本研究增加了一种新的毛刺蟹总科线粒体基因组全序列数据,并基于基因排列顺序初步解析了毛刺蟹科已知两个属之间、以及毛刺蟹总科与扇蟹总科的进化关系. 然而,由于科级类群的分类单元取样不足,对毛刺蟹总科各科之间、以及毛刺蟹总科与短尾类其他总科之间的系统发生关系尚有待进一步通过高通量测序获得更多科级分类单元的线粒体基因组全序列,并基于 13 条蛋白编码基因和两条 rRNA 基因全序列构建系统发生树、分子钟模拟等加以解析.

#### [参考文献]

- [1] DAVIE P J F. A re-appraisal of *Heteropanope* Stimpson, and *Pilumnopus* A. Milne Edwards (Crustacea: Decapoda: Pilumnidae) with descriptions of new species and new genera [J]. *Memoirs of the queensland museum*, 1989, 27: 129-156.
- [2] DANA J D. Crustacea, part 1. in United States exploring expedition during the years 1838, 1839, 1840, 1841, 1842, under the command of Charles Wilkes [J]. *USN*, 1852, 13: 1-685.
- [3] ALCOCK A. Materials for a carcinological fauna of India. No. 3. The Brachyura Cyclometopa. Part 1. The family Xanthidae [J]. *Asiat Soc Beng*, 1898, 67: 67-233.
- [4] TAKEDA M. Studies on the Crustacea Brachyura of the Palau Islands, JIL Xanthidae [J]. *Res Crustacea*, 1976, 7: 69-99.
- [5] GUINOT D. Principes d'une classification evolutive des crustacés décapodes [J]. *Bull Biol Fr Belg*, 1978, 112: 211-92.
- [6] SERENE R. Crustacés décapodes brachyours de l'Océan Indien Occidental et de la Mer Rouge. Xanthoidea; Xanthidae et Trapeziidae, avec addendum: Carpiliidae et Menippidae, par A. Crosnier [J]. *Faune trop*, 1984, 24: 1-349.
- [7] NG P K L, CLARK P F. The Indo-Pacific Pilumnidae XII. On the familial placement of *Chlorodiella bidentata* (Nobili, 1901) and *Tanaocheles stenochilus* Kropp, 1984 using adult and larval characters with the establishment of a new subfamily, *Tanaochelelinae* (Crustacea: Decapoda: Brachyura) [J]. *J Nat Hist*, 2000, 34: 207-245.
- [8] CLARK P F, NG P K L. The larval development of *Actumnus setifer* (De Haan, 1835) (Brachyura: Xanthoidea: Pilumnidae) described from laboratory reared material [J]. *Crust Res*, 2004, 33: 27-50.
- [9] CLARK P F, NG P K L, NOHO H. The first stages zoeas of *Carpilius convexus* (Forsk? 1, 1775) and *C. maculatus* (Linnaeus, 1758) (Crustacea: Decapoda: Brachyura: Xanthoidea: Carpiliidae); an example of heterochrony [J]. *J Plankt Res*, 2005, 27: 1-9.
- [10] 徐武杰, 邹节新, 白俊, 等. 鄱阳湖流域华溪蟹属 DNA 条形码 [J]. *南昌大学学报 (理科版)*, 2015, 39(4): 402-408.
- [11] SCHUBART C D, CUESTA J A, DIESEL R, et al. Molecular phylogeny, taxonomy, and evolution of nonmarine lineages within the American grapsoid crabs (Crustacea: Brachyura) [J]. *Molecular phylogenetics and evolution*, 2000, 15(2): 179-190.
- [12] KITAURA J, WADA K, NISHIDA M. Molecular phylogeny of grapsoid and ocypodoid crabs with special reference to the genera *Metaplex* and *Macrophthalmus* [J]. *Journal of crustacean biology*, 2002, 22: 682-693.
- [13] TSANG L M, SCHUBART C D, AHYONG S T, et al. Evolutionary history of true crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura) and the origin of freshwater crabs [J]. *Molecular biology and evolution*, 2014, 31(5): 1173-1187.
- [14] SCHUBART C D, CANNICCI S, VANNINI M, et al. Molecular phylogeny of grapsoid crabs (Decapoda, Brachyura) and allies based on two mitochondrial genes and a proposal for refraining from current superfamily classification [J]. *Journal of zoological systematics and evolutionary research*, 2016, 44(3): 193-199.
- [15] JI Y K, WANG A, LU J J, et al. Mitochondrial genomes of two brachyuran crabs (Crustacea: Decapoda) and phylogenetic analysis [J]. *Journal of crustacean biology*, 2014, 34: 494-503.
- [16] XING Y H, ZHOU L J, HOU Y, et al. Complete mitochondrial genomes from two species of Chinese freshwater crabs of the genus *Sinopotamon* recovered using next-generation sequencing reveal a novel gene order (Brachyura, Potamidae) [J]. *ZooKeys*, 2017, 705: 41-60.



- [17] JIA X N, XU S X, BAI J, et al. The complete mitochondrial genome of *Somanniathelphusa boyangensis* and phylogenetic analysis of Genus *Somanniathelphusa*(Crustacea:Decapoda:Parathelphusidae)[J]. PLoS one, 2018, 13(2):e0192601.
- [18] TANG B P, XIN Z Z, LIU Y, et al. The complete mitochondrial genome of *Sesarmops sinensis* reveals gene rearrangements and phylogenetic relationships in *Brachyura*[J]. PLoS one, 2017, 12(6):e0179800.
- [19] CHEN J Q, XING Y H, YAO W J, et al. Characterization of four new mitogenomes from *Ocypodoidea* & *Grapsodoidea*, and phylo-mitogenomic insights into thoracotreme evolution[J]. Gene, 2018, 675(30):27–35.
- [20] TAN M H, GAN H M, LEE Y P, et al. ORDER within the chaos: Insights into phylogenetic relationships within the *Anomura* (Crustacea:Decapoda) from mitochondrial sequences and gene order rearrangements[J]. Molecular phylogenetics and evolution, 2018, 127:320–331.
- [21] DAI A Y, YANG S L. Crabs of the china seas[M]. Beijing:China Ocean Press, 1991.
- [22] LOWE T M, EDDY S R. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence[J]. Nucleic acids research, 1997, 25(5):955–964.
- [23] 白俊, 朱春潮, 聂宗恒, 等. 短尾类线粒体基因组研究概要及比较分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2016, 10:2627–2639.
- [24] SHI G H, CUI Z X, HUI M, et al. The complete mitochondrial genomes of *Umاليا orientalis* and *Lyreidus brevifrons*: The phylogenetic position of the family *Raninidae* within *Brachyuran* crabs[J]. Marine genomics, 2015, 21:53–61.
- [25] OJALA D, MONTOYA J, ATTARDI G. tRNA punctuation model of RNA processing in human mitochondria[J]. Nature, 1981, 290(5806):470–474.
- [26] ZHANG Z Q, WANG X J, LI R Z, et al. The mitochondrial genome of *Dastarcus helophoroides*(Coleoptera:Bothrideridae) and related phylogenetic analyses[J]. Gene, 2015, 560(1):15–24.
- [27] BOORE J L. The duplication/random loss model for gene rearrangement exemplified by mitochondrial genomes of deuterostome animals[M]//SANKOFF D, NADEAU J H. Comparative Genomics. Dordrecht:Kluwer Academic Publishers, 2000.
- [28] BLACK W C, ROEHRDANZ R L. Mitochondrial gene order is not conserved in arthropods: prostriate and metastriate tick mitochondrial genomes[J]. Mol Biol Evol, 1998, 15:1772–85.
- [29] LI H, LIU H, SHI A, et al. The complete mitochondrial genome and novel gene arrangement of the unique-headed bug *Stenopirates* sp.(Hemiptera:Enicocephalidae)[J]. PLoS One, 2012, 7(2):e29419.
- [30] MORITZ C, BROWN W M. Tandem duplications in animal mitochondrial DNA: Variations in incidence and gene content among lizards[J]. Proc Natl Acad Sci, 1987, 84:7183–7187.

[责任编辑:黄 敏]