

文章编号:1000-5854(2026)03-0280-10

盘腹蛛科首个线粒体基因组揭示特殊的基因重排和转运 RNA 基因的极度简化

李江妮, 孙东, 王雪玲, 唐艺, 赵慧峰

(廊坊师范学院 生命科学学院/河北省动物多样性重点实验室,河北 廊坊 065000)

摘要:首次对盘腹蛛科 Halonoproctidae 的线粒体基因组宽肋盘腹蛛 *Cyclocosmia latusicosta* Zhu,Zhang & Zhang 2006 进行了测序、组装和注释。宽肋盘腹蛛线粒体基因组长度为 13 915 bp,为闭合环状双链 DNA 分子,包含 13 个蛋白编码基因(protein-coding genes,PCGs)、22 个转运 RNA 基因(transfer RNA genes,tRNAs)、2 个核糖体 RNA 基因(ribosomal RNA genes,rRNAs)和 1 个控制区(control region);该线粒体基因组存在 *trnW* 的基因倒置现象,为蜘蛛目 Araneae 中首次发现;此外,该线粒体基因组的基因之间存在重叠现象,且 tRNAs 极度简化。本研究不仅丰富了蜘蛛的线粒体基因组数据,而且对理解蜘蛛线粒体基因组的进化,特别是在了解 tRNAs 的结构和功能方面提供了新思考。

关键词:盘腹蛛科;宽肋盘腹蛛;线粒体基因组;系统发育

中图分类号:Q 963 **文献标志码:**A **doi:**10.13763/j.cnki.jhebnu.nse.202604007

The First Mitogenome of the Family Halonoproctidae Reveals Unique Gene Rearrangements and Extremely Truncated Transfer RNA Genes

LI Jiangni, SUN Dong, WANG Xueling, TANG Yi, ZHAO Huifeng

(College of Life Science/Hebei Key Laboratory of Animal Diversity,Langfang Normal University,Langfang Hebei 065000,China)

Abstract: This study reports the first mitogenome of the family Halonoproctidae, specifically from the species *Cyclocosmia latusicosta* Zhu,Zhang & Zhang 2006, including its sequencing, assembly, and annotation. The mitogenome of *C. latusicosta* is a closed circular double-stranded DNA molecule of 13 915 bp, containing 13 protein-coding genes (PCGs), 22 transfer RNA genes (tRNAs), 2 ribosomal RNA genes (rRNAs), and one control region. Notably, an inversion of the *trnW* gene was identified, representing the first reported case in the order Araneae. Furthermore, the mitogenome exhibits overlapping genes and extremely truncated tRNA genes. This research not only enriches mitogenomic data for spiders but also provides new insights into the evolution of spider mitogenomes, particularly concerning the structure and function of tRNA genes.

Key words: Halonoproctidae; *Cyclocosmia latusicosta*; mitochondrial genome; phylogeny

收稿日期:2025-09-26;修回日期:2025-12-08

基金项目:国家自然科学基金(32100363);河北省教育厅科学技术项目(BJ2025152);廊坊市科学技术研究与发展计划自筹经费项目(2025013066)

作者简介:李江妮(1991-),女,山东临沂人,副教授,博士,研究方向为动物分类和系统进化。

共同第一作者:孙东(2005-),男,河北廊坊人,研究方向为动物分类和系统进化。

通信作者:赵慧峰(1985-),男,副教授,硕士生导师,研究方向为动物分类和系统进化。E-mail:zhaohf@lfnu.edu.cn

盘腹蛛属 *Cyclocosmia* Ausserer 1871 以其截断的腹部和硬质、高度角质化的圆盘而闻名,该圆盘由一系列凸起的肋和狭窄的沟组成.盘腹蛛属所含物种较少,主要分布于亚洲的东南亚地区(中国南部、泰国、越南和老挝)和中北美洲的墨西哥湾沿岸(美国南部和墨西哥)^[1].目前,盘腹蛛属已知的物种共有 12 种,其中 9 种分布于亚洲,包括 *C. abramovi* Sherwood 2024, 兰纳盘腹蛛 *C. lannaensis* Schwendinger 2005、宽肋盘腹蛛 *C. latusicosta* Zhu, Zhang & Zhang 2006、刘氏盘腹蛛 *C. liui* Xu, Xu & Li 2017、里氏盘腹蛛 *C. ricketti* (Pocock 1901) 如意盘腹蛛 *C. ruyi* Yu & Zhang 2023、*C. siamensis* Schwendinger 2005、近宽肋盘腹蛛 *C. sublatusicosta* Yu & Zhang 2018 和近里氏盘腹蛛 *C. subricketti* Yu & Zhang 2018; 美洲则有 3 种,分别为 *C. loricate* Koch 1842、*C. torreyi* Gertsch & Platnick 1975 和 *C. truncate* (Hentz 1841)^[1].在分类学历史中,盘腹蛛属隶属的科级单元经历过变化,最初盘腹蛛属被归入全球性分布的螳螂科 Ctenizidae Thorell 1887,但随后基于形态特征和分子数据,被划归盘腹蛛科 Halonoproctidae Pocock 1901^[2-3].

由于线粒体基因组具有母系遗传、进化速率快和丰富的遗传信息等特性而被广泛地应用于遗传进化的研究中^[4-6].近年来,随着二代测序技术的发展,越来越多的完整线粒体基因组被测序,为研究分子进化提供了丰富的材料.截至 2025 年 9 月,美国国家生物技术信息中心(national center for biotechnology information, NCBI)数据库中已收录 68 397 个动物的线粒体基因组.然而,所涉及的动物类群极度偏向于脊椎动物,无脊椎动物的线粒体基因组所占比例较小.蜘蛛是物种多样性较高的类群,目前已知物种数量 52 766 个.然而,蜘蛛的线粒体基因组研究相对较少,目前已公布的蜘蛛线粒体基因组序列有 317 个记录(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>),仅占蜘蛛物种数量的小部分(表 1).通常,动物 tRNA 基因折叠成典型的三叶草结构.然而有研究发现蜘蛛的 tRNA 基因具有不同于其他的类群特性,大多数 tRNA 基因缺乏 Thymine-Pseudouridine-Cytosine 臂(TΨC),少数情况下缺乏 Dihydrouracil 臂(DHU),简化为 TV 替代环.

表 1 NCBI 中已记录的蜘蛛目线粒体组情况统计
Tab.1 The Statistics of Mitogenomes Records in Araneae

科	中文科名	已报道线粒体组的物种个数	已报道线粒体组的线粒体记录
Agelenidae	漏斗蛛科	1	2
Amaurobiidae	暗蛛科	1	1
Araneidae	园蛛科	26	154
Archaeidae	古蛛科	1	2
Ctenidae	栉足蛛科	1	1
Cybaeidae	并齿蛛科	2	4
Desidae	潮蛛科	2	4
Gnaphosidae	平腹蛛科	5	10
Hypochilidae	古筛蛛科	2	3
Linyphiidae	皿蛛科	5	8
Liphistiidae	节板蛛科	3	6
Lycosidae	狼蛛科	8	22
Miturgidae	米图蛛科	1	2
Oxyopidae	猫蛛科	4	14
Palpimanidae	二纺蛛科	2	2
Pholcidae	幽灵蛛科	2	3
Pisauridae	盗蛛科	2	4
Salticidae	跳蛛科	15	25

续表

科	中文科名	已报道线粒体组的物种个数	已报道线粒体组的线粒体记录
Selenopidae	拟扁蛛科	1	3
Sicariidae	刺客蛛科	3	5
Sparassidae	巨蟹蛛科	2	5
Tetragnathidae	肖峭蛛科	6	14
Theraphosidae	捕鸟蛛科	7	16
Theridiidae	球蛛科	4	7
总计	24	106	317

目前对盘腹蛛属的线粒体基因组结构以及 tRNAs 二级结构的研究仍为空白,鉴于此,本研究选取了来自中国广西壮族自治区的宽肋盘腹蛛作为实验材料,完成了盘腹蛛科首个线粒体基因组的测序与组装,并对其基因组和结构特征进行了详细分析.这一成果不仅为探讨盘腹蛛科基因组特征及系统发育分析提供了基础数据,也提高了对该科分子生物学的认知水平.

1 材料与方法

实验材料.宽肋盘腹蛛的标本于 2023 年 8 月 23 日由李江妮在中国广西壮族自治区宁明县爱店镇(25.0° N, 102.7° E)采集.凭证标本保存在廊坊师范学院生命科学学院的-20 °C 冰箱中.在体视镜莱卡 M205C 下观察标本的外部特征和内部解剖结构,根据盘腹蛛属分类文献中记载的物种特征^[7]进行物种鉴定.

实验方法.本研究使用天根基因组 DNA 试剂盒(北京天根生化科技有限公司),从蜘蛛腿部肌肉组织中提取总 DNA.随后,委托武汉华大基因科技有限公司进行高通量测序,生成约 1.5 Gb 的原始数据.线粒体基因组序列的组装采用 2 种方法:NOVOPlasty 4.3.1^[8]和 MitoZ v2.4-alpha^[9].组装完成后,利用 MITOS Web Server^[10]和 MitoZ 对线粒体基因组进行注释.通过与 GenBank 中已发表的 *Calisoga longitarsis* 的线粒体基因组的数据(EU523754)进行 BLAST 比对,验证注释结果的准确性.最终,线粒体基因组数据提交至 GenBank(登录号:PV176836).利用 Mega 5^[11]计算线粒体基因组的相对同义密码子使用频率(relative synonymous codon usage, RSCU).此外,计算了 GC 偏斜值[GC-skew = (G - C)/(G + C)]和 AT 偏斜值[AT-skew = (A - T)/(A + T)].对于 tRNA 基因的二级结构,首先尝试使用 MITOS 软件进行自动预测.然而,有 8 个 tRNAs 基因未能通过 MITOS2 中的 MiTFi 算法的 Infernal 预测识别.针对这些基因,进行了手动检查和二级结构折叠分析,以确保注释的完整性.手动进行二级结构折叠时候按照碱基配对原则优先按照标准 tRNA 二级结构标记 4 个臂,同时考虑缺臂和 TV 替代环等特殊情况.

线粒体基因组重排是研究线粒体基因组结构变异和进化的重要依据.本研究选取了 7 种节肢动物的线粒体基因组对 37 个基因的排列情况进行统计,通过比较识别宽肋盘腹蛛的基因倒位、移位和滑移情况.这 7 个线粒体组包括肢口纲的东方鲿 *Tachypleus tridentatus*^[12]、蛛形纲 Arachnida 中纺亚目 Mesothelae 节板蛛科 Liphistiidae 的 2 个代表蜘蛛 *Liphistius erawan* (JQ407803)和杭七纺蛛 *Heptathela hangzhouensis* (AY309258)、原蛛下目的代表蜘蛛 *Calisoga longitarsis*^[13]、新蛛下目简单生殖器类古筛蛛科蜘蛛 *Hypochilus thorelli*^[13]、以及新蛛下目复杂生殖器类狼蛛科蜘蛛田中熊蛛 *Arctosa tanakai*^[14]和园蛛科蜘蛛横纹金蛛 *Argiope bruennichi*^[15].

为探讨盘腹蛛属内部物种的系统发育关系,本研究收集了目前公共数据中所有盘腹蛛属的 COX1 数据,并开展分析.目前盘腹蛛的分子数据较少,共有 8 个盘腹蛛物种的 16 个 COX1 数据已公布^[16].系统发育分析是基于 COX1 数据,通过最大似然法(Maximum Likelihood method, ML)和贝叶斯推断(Bayesian Inference, BI)重建系统发育拓扑结构.选择了盘腹蛛科的拉土蛛属物种,典型拉土蛛 *Latouchia typic* (Kishida 1913)和台湾拉土蛛 *L. formosensis* Kishida 1943 作为外群.通过 ClustalW 软件^[17]对 COX1 基因进行序列比对,使用 RaxML v8.4.2^[18]和 MrBayes v3.2.6^[19]构建盘腹蛛属内的系统发育关系.在 RAxML 的分析

中,选用 GTRGAMMA 模型,设置快速自展模式,并设置自展值 bootstrap 为 1 000.在 MrBayes 分析中,采用最优核苷酸替代模型 TIM3+F+I+G4,运行 200 万代,每 1 000 代采样一次,并检验 ESS 值大于 200 以确保收敛.构建的系统发育结果使用 FigTree v1.4.4^[20]进行美化.

2 结 果

线粒体基因组结构:宽肋盘腹蛛的线粒体组全长为 13 915 base pairs(bp),呈环状的双链 DNA 结构,其中包含了 13 个蛋白编码基因(protein coding genes,PCGs)、22 个转运 RNA 基因 (transfer RNA genes,tRNAs)、和 2 个核糖体 RNA 基因 (ribosomal RNA genes,rRNAs)(图 1).该线粒体基因组的核苷酸组成中,A 占 32.51%,T 占 34.38%,C 占 9.81%,G 占 23.30%.全序列 A+T 含量为 66.89%,C+G 含量为 33.11%,AT 的偏斜性为-0.028,GC 偏斜性为 0.407,与其他蜘蛛线粒体基因组的 AT 偏好特征一致.超过一半的基因编码在正链 (+)上,包括 9 个 PCGs 和 12 个 tRNAs 基因.除了 COX2 和 ND6 以 TTG 起始外,其他 PCGs 均以 ATN 密码子起始.

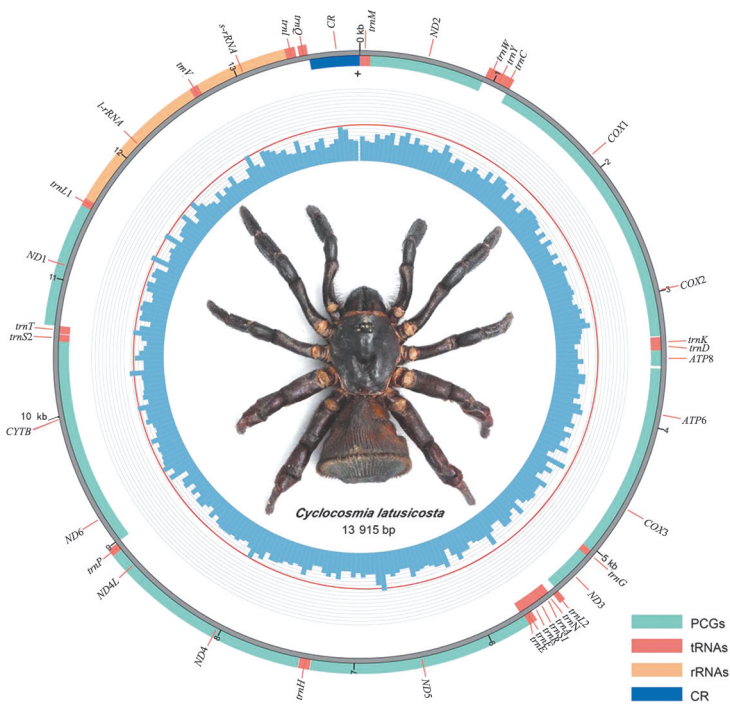


图 1 宽肋盘腹蛛的线粒体基因组

Fig.1 The Mitogenome of *Cyclocosmia latusicosta*

2.1 PCGs 组成

PCG 基因序列总长度为 10 578 bp,共编码 3 517 个氨基酸,对整体 PCGs 进行数据分析可知其中 A 的含量为 24.96%,T 的含量为 41.22%,G 的含量为 19.10%,C 的含量 14.72%,A+T 的含量为 66.18%,C+G 的含量为 33.82%,AT 的偏斜性为-0.245 5,GC 的偏斜性为 0.129 4.以 ATN 为起始密码子的基因有 11 个,分别是 ND2、COX1、ATP8、ATP6、COX3、ND3、ND5、ND4、ND4L、CYTB、ND1.其中以 ATT 为起始密码子的有 ND2、ATP8、ND3、ND5、ND4、ND4L、ND1,而以 ATA 为起始密码子的只有 COX1,以 ATG 为起始密码子的有 ATP6、COX3、CYTB,以 TTG 为起始密码子的有 COX2、ND6.有一部分 PCGs 基因的终止密码子不完整,为单 T- (终止密码子单 T- 通过在 mRNA 上添加 3' A 残基完成),其中有 ND2、ND5、ND4、ND4L、CYTB、ND1,而另一部分 PCGs 基因的终止密码子完整,其中 COX1、COX2、ATP6 以 TAG 为终止密码子,而 COX1、COX2、ATP8 和 ND6 以 TAA 为终止密码子(表 2).

依据 PCGs 的全部密码子运用 MEGA 5 进行整理分析,可知 RSCU 最高的是编码丝氨酸的 UCU (2.97),最低的是编码亮氨酸的 CUG(0.09)和缬氨酸的 GUC(0.09).不同的密码子之间的 RSCU 相差较大,分析可知 RSCU 在宽肋盘腹蛛线粒体基因组中具有比较显著的偏斜性.

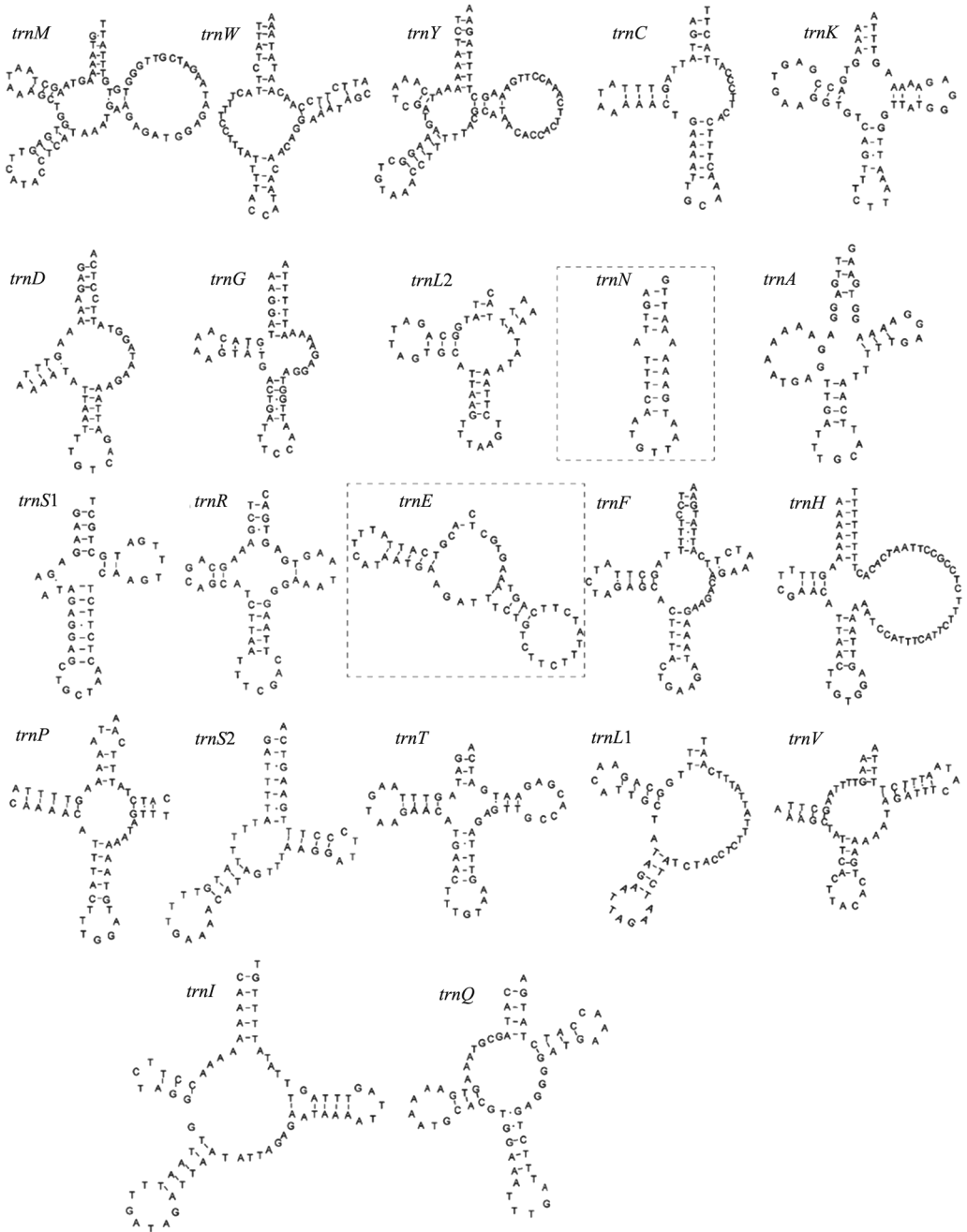
表 2 宽肋盘腹蛛的线粒体基因组组成
 Tab.2 Mitochondrial Genome Composition of *C. latusicosta*

基因	起始	终止	方向	长度/bp	起始密码子	终止密码子
<i>trnM</i>	1	80	+	80		
<i>ND2</i>	78	936	+	859	ATT	T
<i>trnW</i>	934	996	-	63		
<i>trnY</i>	1 000	1 076	-	77		
<i>trnC</i>	1 077	1 127	-	51		
<i>COX1</i>	1 123	2 658	+	1 536	ATA	TAG
<i>COX2</i>	2 659	3 324	+	666	TTG	TAG
<i>trnK</i>	3 336	3 391	+	56		
<i>trnD</i>	3 379	3 430	+	52		
<i>ATP8</i>	3 431	3 547	+	117	ATT	TAA
<i>ATP6</i>	3 566	4 234	+	669	ATG	TAG
<i>COX3</i>	4 237	5 022	+	786	ATG	TAA
<i>trnG</i>	5 024	5 075	+	52		
<i>ND3</i>	5 075	5 404	+	330	ATT	TAA
<i>trnL2</i>	5 401	5 447	-	47		
<i>trnN</i>	5 463	5 491	+	29		
<i>trnA</i>	5 489	5 541	+	53		
<i>trnS1</i>	5 538	5 583	+	46		
<i>trnR</i>	5 585	5 634	+	50		
<i>trnF</i>	5 635	5 689	+	55		
<i>trnE</i>	5 645	5 707	-	63		
<i>ND5</i>	5 708	7 328	-	1 621	ATT	T
<i>trnH</i>	7 314	7 393	-	80		
<i>ND4</i>	7 396	8 668	-	1 273	ATT	T
<i>ND4L</i>	8 666	8 942	-	280	ATT	T
<i>trnP</i>	8 932	8 987	-	56		
<i>ND6</i>	8 991	9 416	+	426	TTG	TAA
<i>CYTB</i>	9 416	10 550	+	1 135	ATG	T
<i>trnS2</i>	10 551	10 602	+	52		
<i>trnT</i>	10 608	10 664	+	57		
<i>ND1</i>	10 664	11 546	-	883	ATT	T
<i>trnL1</i>	11 545	11 599	-	55		
<i>l-rRNA</i>	11 600	12 661	-	1 062		
<i>trnV</i>	12 662	12 721	-	60		
<i>s-rRNA</i>	12 722	13 383	-	662		
<i>trnI</i>	13 384	13 455	-	72		
<i>trnQ</i>	13 476	13 538	-	63		
control region	13 539	13 915	+	337		

2.2 tRNAs 组成

22 个 tRNA 基因总长度为 1 259 bp,而单个基因长度为 29 bp (*trnN*)~80 bp (*trnM* 和 *trnH*),对整体 tRNA 基因进行数据分析可知 A 的含量为 35.82%,T 的含量为 34.80%,C 的含量为 12.94%,G 的含量为 16.44%,A+T 的含量为 70.62%,C+G 的含量为 29.38%,AT 偏斜性为 0.014 6,GC 偏斜性为 0.118 9.

22 个 tRNA 基因中,有 8 个可以折叠为三叶草结构(*trnM*、*trnY*、*trnK*、*trnR*、*trnS2*、*trnT*、*trnI* 和 *trnQ*),其他均无法折叠成典型的 cloverleaf 结构,其中 8 个 tRNA 基因缺失 1 个环(TΨC 或 DHU),而有 4 个 tRNAs 基因(*trnA*、*trnL1*、*trnS1* 和 *trnH*)缺失一臂,另外有 2 个 tRNAs 基因(*trnN*、*trnE*)因为折叠异常,有可能是丢失的 tRNAs,见图 2.



注:虚框表示可能丢失的 tRNA 基因(*trnN* 和 *trnE*).

图 2 宽肋盘腹蛛线粒体基因组 tRNA 基因二级结构

Fig.2 Secondary Structures of tRNAs in the Mitochondrial Genome of *C. latiscosta*

2.3 rRNAs 组成

2 个 rRNA 基因都位于负链,总长度为 1 724 bp(图 1).l-rRNA 位于 *trnL1* 和 *trnV* 之间,长度为 1 062 bp;s-rRNA 位于 *trnV* 和 *trnI* 之间,长度为 662 bp.rRNA 基因中 A 的含量为 30.86%,T 的含量为 38.28%,C 的含量为 18.10%,G 的含量为 12.76%,A+T 含量为 69.14%,C+G 的含量为 30.86%,AT 偏斜性为-0.107 4,GC 偏斜性为-0.172 9.

2.4 基因重排

经分析发现,宽肋盘腹蛛的线粒体组中存在基因重排现象(图 3).相较于中纺亚目的节板蛛科线粒体基因排列模式,宽肋盘腹蛛有 8 个 tRNAs 发生了重排现象,即 *trnL2*、*trnN*、*trnS1*、*trnT*、*trnI*、*trnW*、*trnY* 和 *trnC*.相比较后纺亚目类群,如新蛛下目的原蛛下目类(线蛛科),宽肋盘腹蛛的 *trnW* 发生了倒置现象,这是首次在蜘蛛目中的线粒体组中发现 *trnW* 的倒置现象.相较于新蛛下目的简单生殖器类,宽肋盘腹蛛有 2 个基因发生了倒置现象,即 *trnI* 和 *trnW* 在线粒体组的负链编码.相较同为新蛛下目的复杂生殖器类,宽肋盘腹蛛的 *trnW* 发生了倒置,*trnI* 发生了移位叠加倒置的现象.

<i>Tachyplesus tridentatus</i> (东方螯 蟹口纲 <i>Liphistius curwan</i> , <i>Heptathela hangzhouensis</i> (节板蛛科) 中纺亚目)																																				
COX1	COX2	K	D	ATP8	ATP6	COX3	G	ND3	A	R	N	S1	E	-F	-ND5	-H	-ND4	-ND4L	-P	ND6	CYTB	S2	-ND1	-L1	-L2	-rrnL	-V	-rrnS	I	-Q	M	ND2	W	-C	-Y	
<i>Caliscoga longitarsis</i> (线蛛科) 原蛛下目																																				
COX1	COX2	K	D	ATP8	ATP6	COX3	G	ND3	-L2	N	A	S1	R	E	-F	-ND5	-H	-ND4	-ND4L	-P	ND6	CYTB	S2	T	-ND1	-L1	-rrnL	-V	-rrnS	-I	-Q	M	ND2	W	-Y	-C
<i>Cyclocosmia latusicosta</i> (螯蛛科) 原蛛下目																																				
COX1	COX2	K	D	ATP8	ATP6	COX3	G	ND3	-L2	N	A	S1	R	E	-F	-ND5	-H	-ND4	-ND4L	-P	ND6	CYTB	S2	T	-ND1	-L1	-rrnL	-V	-rrnS	-I	-Q	M	ND2	W	-Y	-C
<i>Hypochilus thorelli</i> (古蜘蛛科) 新蛛下目 简单生殖器类群																																				
COX1	COX2	K	D	ATP8	ATP6	COX3	G	ND3	-L2	N	A	S1	R	E	-F	-ND5	-H	-ND4	-ND4L	-P	ND6	CYTB	S2	T	-ND1	-L1	-rrnL	-V	-rrnS	I	-Q	M	ND2	W	-Y	-C
<i>Arctosa tanakai</i> (狼蛛科), <i>Argiope brucennichi</i> (园蛛科) 新蛛下目 复杂生殖器类群																																				
COX1	COX2	K	D	ATP8	ATP6	COX3	G	ND3	-L2	N	A	S1	R	E	-F	-ND5	-H	-ND4	-ND4L	-P	ND6	I	CYTB	S2	T	-ND1	-L1	-rrnL	-V	-rrnS	-Q	M	ND2	W	-Y	-C

负号代表基因位于负链;红色代表是基因移位;蓝色代表基因原位倒置;灰色代表不确定的基因.

图 3 宽肋盘腹蛛的线粒体组基因重排现象

Fig.3 The Phenomenon of Mitogenome Gene Rearrangements in *Cyclocosmia latusicosta*

2.5 系统发育分析

RaxML 和 MrBayes 的拓扑结构高度一致,唯一的差别是 MrBayes 结果中 *C. ruyi* 的分支长度为零,这有可能是遗传信号不足所导致.RaxML 的拓扑结构显示中北美洲分布的物种(*C. loricata* 和 *C. truncata*) 位于基初的位置,且它们并非单系类群(图 4).分布于亚洲的物种是单系群.中国特有种在该进化树中分为 2 个支系,其中 *C. ricketti*、*C. subricketti* 和 *C. sublatusicosta* 聚为一支,支持率为 100%.另外一个中国特有种 *C. ruyi* 与分布于中国和泰国的 *C. lannaensis* 聚为一支,支持率并不高,为 58%.本研究关注的采集于广西的宽肋盘腹蛛与在越南标本聚为姐妹类群,且遗传距离较小,COX1 基因的遗传距离只有 0.4%.盘腹蛛属分布于热带-亚热带湿润区,该属物种多样性较低,专性穴居的习性使其扩散能力受限,是研究北半球生物地理格局的理想类群.后续研究应整合核基因组数据并扩大物种取样覆盖,这对揭示蜘蛛类群的遗传分化机制与历史扩散路线具有重要意义.

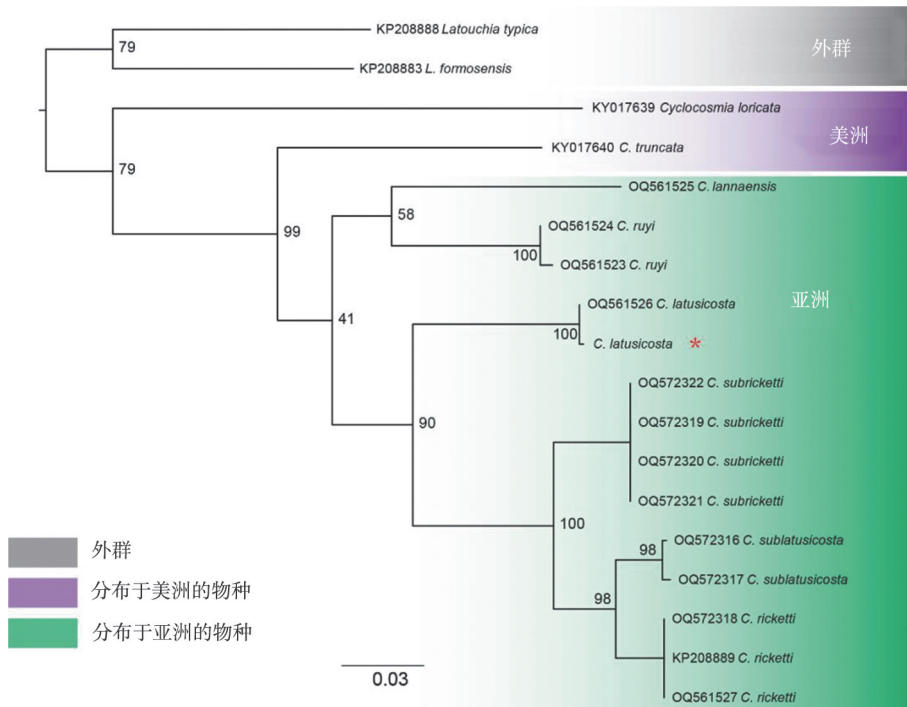
3 讨论

目前,已描述的蜘蛛共计 136 科 4 427 属 52 770 种,但在 GenBank 中记录的 317 个蜘蛛线粒体基因组仅分散在 24 科 70 属 106 种(表 1),线粒体基因组数据在蜘蛛的科属种内的占比分别为 17.64%、1.58%和 0.20%.由此可见,线粒体基因组的资源与物种数量相比存在极大差距.线粒体基因组数据对于蜘蛛的分类学、系统发育学、生物地理学和进化生物学研究具有重要意义,但目前数据库内的相关数据严重不足,亟需补充.

蜘蛛目线粒体基因组的基因重排主要集中在 tRNA 基因,基因重排可能通过串联重复-随机丢失(tandem duplication random loss, TDRL)^[21] 机制发生,该机制可能涉及复制过程中的滑动链错配或不精确终止.这种重排现象广泛存在于动物线粒体基因组的进化中,例如在众多蜘蛛物种中,基因移位、倒置和洗牌等现象均有报道^[12-15].在宽肋盘腹蛛中,首次报道了 *trnW* 的倒置,这种特殊的基因倒置现象证明在蜘蛛类

群中线粒体基因组的结构具有较高的可塑性,这一发现进一步丰富了对蜘蛛基因重排多样性的认识。

本研究表明宽肋盘腹蛛的 tRNAs 基因表现出极高的简化现象,这与其他蜘蛛的线粒体 tRNA 基因极度缩短类似^[13,22]。这种高度简化的 tRNA 基因结构在蜘蛛中非常普遍,表明蜘蛛在进化过程中可能经历了显著的线粒体基因组压缩和优化。极短的 tRNA 基因如何行使转运功能,是否能在转录后通过特殊的加工机制转变为完全功能的 tRNA 基因尚未可知,亦或这些基因已经完全失去功能,而其功能是被细胞质中的 tRNA 基因替代,未来需要更多的线粒体组数据和更深入的分子生物学实验开展验证。



注:在每个节点上都标记了支持号;包括在系统发育树中使用的所有序列的 GenBank 登录号;本研究中提供的序列用红色星号标记。

图 4 基于 16 条 COX1 序列的 8 种盘腹蛛属物种的最大似然分析

Fig.4 Maximum Likelihood Analyses of Eight *Cyclocosmia* Species with 16 COX1 Sequences

在线粒体基因组中偶有 tRNA 基因丢失事件发生,但前人的研究主要集中在真核单细胞生物^[22],如脊椎动物两栖纲中,版纳大头蛙 *Limnonectes bannaensis* 中的 4 个 tRNA 基因,即 *trnA*、*trnN*、*trnC* 和 *trnE* 缺失^[23],蚓螈目的 *Gegeneophis ramaswamii* 的 *trnP* 发生缺失^[24]。在蜘蛛中仅有一例报道过,狼蛛科的拟水狼蛛 *Pirata subpiraticus* 的 *trnG* 未被检测到^[25]。tRNA 的缺失会对氨基酸的转运方式或途径造成影响,机体为应对 tRNA 基因丢失可能有 2 种补偿机制,分别是 tRNA 转入^[26-27]和超级摆动^[28]。

蜘蛛是陆地生态系统中的重要捕食者之一,其捕食方式与其他动物截然不同,主要通过被动捕食或“守株待兔”的策略获取食物,因此能量消耗相对较小^[20-30]。线粒体作为细胞的能量工厂,为蜘蛛的行为提供能量,但与活跃捕食的动物相比,其能量需求较低,因此线粒体无需高效运转。这种低能量需求可能导致线粒体中 tRNA 基因的功能减弱甚至丧失,而这种现象可能是适应性进化的结果^[31]。研究蜘蛛线粒体组对于探讨其演化具有重要意义,但目前发表的线粒体组数量极少,严重阻碍了相关方向的深入研究。因此,未来应加大对蜘蛛线粒体组的相关研究,以揭示蜘蛛适应性进化的奥秘。

4 结 论

本研究提供了盘腹蛛科首个完整的线粒体组。宽肋盘腹蛛的线粒体组中存在基因重排、tRNA 基因极度简化和 tRNA 疑似缺失的现象,为蜘蛛进化研究提供了新的数据。通过进一步研究蜘蛛的线粒体组,特别是其 tRNA 基因的结构和功能,可以更好地帮助研究者理解蜘蛛在进化过程中所经历的基因变化,以及这些变化如何影响生存策略。

参考文献:

- [1] World Spider Catalog(version 25.5)[DB/OL].(2025)[2025-12-08].Bern:Natural History Museum Bern,2024.<https://wsc.nmbe.ch/>
- [2] OPATOVA V, HAMILTON C A, HEDIN M, et al.Phylogenetic Systematics and Evolution of the Spider Infraorder Mygalomorphae Using Genomic Scale Data[J].Systematic Biology,2020,69(4):671-707.doi:10.1093/sysbio/syz064
- [3] GODWIN R L, OPATOVA V, GARRISON N L, et al.Phylogeny of a Cosmopolitan Family of Morphologically Conserved Trapdoor Spiders (Mygalomorphae, Ctenizidae) Using Anchored Hybrid Enrichment, with a Description of the Family, Halonoproctidae Pocock 1901[J].Molecular Phylogenetics and Evolution,2018,126:303-313.doi:10.1016/j.ympev.2018.04.008
- [4] PONS J, RIBERA I, BERTRANPETIT J, et al.Nucleotide Substitution Rates for the Full Set of Mitochondrial Protein-coding Genes in Coleoptera[J].Molecular Phylogenetics and Evolution,2010,56(2):796-807.doi:10.1016/j.ympev.2010.02.007
- [5] LI M, CHEN W T, ZHANG Q L, et al.Mitochondrial Phylogenomics Provides Insights into the Phylogeny and Evolution of Spiders (Arthropoda: Araneae)[J].Zoological Research,2022,43(4):566-584.doi:10.24272/j.issn.2095-8137.2021.418
- [6] SHARBROUGH J, BANKERS L, COOK E, et al.Single-molecule Sequencing of an Animal Mitochondrial Genome Reveals Chloroplast-like Architecture and Repeat-mediated Recombination[J].Molecular Biology and Evolution,2023,40(1):msad007.doi:10.1093/molbev/msad007
- [7] ZHU M S, ZHANG J X, ZHANG F.Rare Spiders of the Genus *Cyclocosmia* (Arachnida: Araneae: Ctenizidae) from Tropical and Subtropical China[J].Raffles Bulletin of Zoology,2006,54(1):111-124.
- [8] DIERCKXSENS N, MARDULYN P, SMITS G.NOVOPlasty: de Novo Assembly of Organelle Genomes from Whole Genome Data[J].Nucleic Acids Research,2017,45(4):e18.doi:10.1093/nar/gkw955
- [9] MENG G L, LI Y Y, YANG C T, et al.MitoZ: A Toolkit for Animal Mitochondrial Genome Assembly, Annotation and Visualization[J].Nucleic Acids Research,2019,47(11):e63.doi:10.1093/nar/gkz173
- [10] BERNT M, DONATH A, JÜHLING F, et al.MITOS: Improved de Novo Metazoan Mitochondrial Genome Annotation [J].Molecular Phylogenetics and Evolution,2013,69(2):313-319.doi:10.1016/j.ympev.2012.08.023
- [11] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al.MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods[J].Molecular Biology and Evolution,2011,28(10):2731-2739.doi:10.1093/molbev/msr121
- [12] SARMIENTO M E, CHIN K L, LAU N S, et al.Mitochondrial DNA Sequence of the Horseshoe Crab *Tachypleus gigas* [J].Mitochondrial DNA Part B,2021,6(6):1710-1714.doi:10.1080/23802359.2021.1930213
- [13] MASTA S E, BOORE J L.Parallel Evolution of Truncated Transfer RNA Genes in Arachnid Mitochondrial Genomes [J].Molecular Biology and Evolution,2008,25(5):949-959.doi:10.1093/molbev/msn051
- [14] 赵浩宇, 张志升.田中熊蛛线粒体基因组序列测定及分析[J].蛛形学报,2018,27(1):57-64.doi:10.3969/j.issn.1005-9628.2018.01.13
ZHAO Haoyu, Zhang Zhisheng.The Mitochondrial Genome of *Arctosa tanakai* (Araneae: Lycosidae)[J].Acta Arachnologica Sinica,2018,27(1):57-64.
- [15] ZHANG P, FANG H Y, PAN W J, et al.The Complete Mitochondrial Genome of the Wasp Spider *Argiope bruennichi* (Araneae: Araneidae)[J].Mitochondrial DNA Part A, DNA Mapping, Sequencing, and Analysis,2016,27(2):996-997.doi:10.3109/19401736.2014.926522
- [16] YU K, LI C Z, ZHANG S Y, et al.A New Trapdoor Spider of *Cyclocosmia* Ausserer, 1871 from Southern China (Araneae, Halonoproctidae)[J].Biodiversity Data Journal,2023,11:e98311.doi:10.3897/BDJ.11.e98311
- [17] THOMPSON J D, HIGGINS D G, GIBSON T J, CLUSTAL W: Improving the Sensitivity of Progressive Multiple Sequence Alignment Through Sequence Weighting, Position-specific Gap Penalties and Weight Matrix Choice[J].Nucleic Acids Research,1994,22(22):4673-4680.doi:10.1093/nar/22.22.4673
- [18] STAMATAKIS A.RAxML Version 8: A Tool for Phylogenetic Analysis and Post-analysis of Large Phylogenies[J].Bioinformatics,2014,30(9):1312-1313.doi:10.1093/bioinformatics/btu033
- [19] RONQUIST F, TESLENKO M, VAN DER MARK P, et al.MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space[J].Systematic Biology,2012,61(3):539-542.doi:10.1093/sysbio/sys029

- [20] RAMBAUT A. Figtree 1.4.4[OL].2018. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/Figtree/>
- [21] WANG Y, NIU Y N, QIN B N, et al. Exploring the Mitogenomes of Acroneuriinae: The First Report of Gene Rearrangements in *Plecoptera* Species and Phylogenetic Analyses of Perlidae[J]. *Ecology and Evolution*, 2025, 15(10): e72309. doi: 10.1002/ece3.72309
- [22] PONS J, BOVER P, BIDEGARAY-BATISTA L, et al. Arm-less Mitochondrial tRNAs Conserved for over 30 Millions of Years in Spiders[J]. *BMC Genomics*, 2019, 20(1): 665. doi: 10.1186/s12864-019-6026-1
- [23] ZHANG J F, NIE L W, WANG Y, et al. The Complete Mitochondrial Genome of the Large-headed Frog, *Limnodynastes bannaensis* (Amphibia: Anura), and a Novel Gene Organization in the Vertebrate mtDNA[J]. *Gene*, 2009, 442(1/2): 119-127. doi: 10.1016/j.gene.2009.04.018
- [24] SAN MAURO D, GOWER D J, OOMMEN O V, et al. Phylogeny of Caecilian Amphibians (Gymnophiona) Based on Complete Mitochondrial Genomes and Nuclear RAG1[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 33(2): 413-427. doi: 10.1016/j.ympev.2004.05.014
- [25] WANG Z L, LI C, FANG W Y, et al. The Complete Mitochondrial Genome of Wolf Spider *Pirata subpiraticus* Boes. et Str. (Araneae: Lycosidae)[J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2016, 27(3): 1802-1803. doi: 10.3109/19401736.2014.963820
- [26] DÖRNER M, ALTMANN M, PÄÄBO S, et al. Evidence for Import of a Lysyl-tRNA into Marsupial Mitochondria[J]. *Molecular Biology of the Cell*, 2001, 12(9): 2688-2698. doi: 10.1091/mbc.12.9.2688
- [27] SALINAS T, DUCHÊNE A M, MARÉCHAL-DROUARD L. Recent Advances in tRNA Mitochondrial Import[J]. *Trends in Biochemical Sciences*, 2008, 33(7): 320-329. doi: 10.1016/j.tibs.2008.04.010
- [28] ROGALSKI M, KARCHER D, BOCK R. Superwobbling Facilitates Translation with Reduced tRNA Sets[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 2008, 15(2): 192-198. doi: 10.1038/nsmb.1370
- [29] NYFFELER M, BIRKHOFER K. An Estimated 400-800 Million Tons of Prey Are Annually Killed by the Global Spider Community[J]. *The Ence of Nature*, 2017, 104(3): 1-12. doi: 10.1007/s00114-017-1440-1
- [30] CODDINGTON J A, LEVI H W. Systematics and Evolution of Spiders (Araneae)[J]. *Annual Review Ecology, Evolution, and Systematics*, 1991, 22(1): 565-592. doi: 10.1146/annurev.es.22.110191.003025
- [31] ADAMS K L, PALMER J D. Evolution of Mitochondrial Gene Content: Gene Loss and Transfer to the Nucleus[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2003, 29(3): 380-395. doi: 10.1016/S1055-7903(03)00194-5

(责任编辑 张晓曼)