

CHARACTERIZATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE COMPLETE MITOCHONDRIAL GENOME OF THE RHUS GALL APHID SCHLECHTENDALIA PEITAN (HEMIPTERA: APHIDIDAE: ERIOSOMATINAE) IN CHINA

J. LIU, Y.-F. ZHANG, Z.-M. REN*

School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan, Shanxi, China

E-mail address: zmren@sxu.edu.cn

The complete mitochondrial genome (mitogenome) of the Rhus gall aphid Schlechtendalia peitan in China was obtained using the shotgun genome-skimming method on an Illumina platform. The complete mitogenome of S. peitan is 15,494 bp in length with a high A + T content of 84.1 %. This mitogenome consists of 13 protein-coding genes, 22 tRNA genes, two rRNA genes, and a control region. All the protein-coding genes initiate with a typical ATN codon and terminate with TAA codon except for COX1, ND4 and ND5 with a single T. The 22 tRNAs range from 59 to 72 bp in length, and each one is predicted as a clover-leaf secondary structure except for tRNA-Ser (AGN), which loses a dihydrouridine (DHU) arm. The ML phylogenetic tree of Fordini aphids constructed using 13 protein-coding genes and two rRNAs showed that S. peitan was sister to the group clustered by the two species Schlechtendalia chinensis and Nurudea ibofushi.

Key words: Rhus gall aphid; Schlechtendalia peitan; Mitochondrion; Genome.

ХАРАКТЕРИСТИКА І ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ПОВНОГО МІТОХОНДРІАЛЬНОГО ГЕНОМУ ГАЛОВИХ ПОПЕЛИЦЬ SCHLECHTENDALIA PEITAN (HEMIPTERA: APHIDIDAE: ERIOSOMATINAE), ЩО ВРАЖАЄ СУМАХ (RHUS) У КИТАЇ

Повний мітохондріальний геном (мітогеном) галових попелиць *Schlechtendalia peitan*, що вражають сумач (Rhus) у Китаї, було отримано за допомогою скімінгу геному методом «дробовика» на платформі Illumina. Повний мітогеном *S. peitan* має довжину 15 494 п.н. і високий вміст А + Т – 84,1 %. Цей мітогеном складається з 13 генів, що кодують білок, 22 тРНК генів, двох рРНК генів і контрольної ділянки. Всі гени, що кодують білок, починаються з типового АТН кодону й закінчуються ТАА кодоном, за винятком *COX1*, *ND4* і *ND5*, що мають одного Т. Довжина 22 тРНК перебуває в діапазоні від 59 до 72 п.н., і кожен передбачено як вторинну структуру у формі листка конюшини, окрім тРНК-Ser (AGN),

яка втрачає дигідроуридинову петлю (DHU). Найбільш вірогідне філогенетичне дерево попелиць Fordini, побудоване за використання 13 генів, що кодують білок, і двох тРНК, продемонструвало, що *S. peitan* є сестринською кладою для кладки, утвореної двома видами – *Schlechtendalia chinensis* і *Nurudea ibofushi*.

Ключові слова: галові попелиці, що вражають сумач (Rhus); *Schlechtendalia peitan*; мітохондрія, геном.

REFERENCES

- Bankevich A, Nurk S, Antipov D et al (2012) SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol* 19:455–477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>.
- Favret C (2021) Aphid Species File. Version 5.0/5.0. [accessed 2021 Jul 17]. <http://Aphid.SpeciesFile.org>.
- Lohse M, Drechsel O, Kahlau S et al (2013) Organellar genome DRAW – a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets. *Nucl Acid Res* 41:W575–W581. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt289>.
- Lowe TM, Chan PP (2016) tRNAscan-SE On-line: integrating search and context for analysis of transfer RNA genes. *Nucl Acid Res* 44:W54–W57. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw413>.
- Ren ZM, Harris AJ, Dikow RB et al (2017) Another look at the phylogenetic relationships and inter-continental biogeography of eastern Asian-North American Rhus gall aphids (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae): Evidence from mitogenome sequences via genome skimming. *Mol Phylogenet Evol* 117:102–110. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2017.05.017>.
- Ren ZM, Su X, von Dohlen CD et al (2018) *Nurudea zhengii* Ren, a new species of the Rhus gall aphids (Aphididae, Eriosomatinae, Fordini) from eastern China. *Pak J Zool* 50:2087–2092. <https://doi.org/10.17582/journal.pjz/2018.50.6.2087.2092>.
- Ren ZM, von Dohlen CD, Harris AJ et al (2019) Congruent phylogenetic relationships of Melaphidina aphids (Aphididae: Eriosomatinae: Fordini) according to nuclear and mitochondrial DNA data with taxonomic implications on generic limits. *PLoS ONE* 14:e0213181. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0213181>.
- Stamatakis A (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30:1312–1313. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>.
- Wolstenholme DR (1992) Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. *Int Rev Cytol* 141:173–216. [https://doi.org/10.1016/S0074-7696\(08\)62066-5](https://doi.org/10.1016/S0074-7696(08)62066-5).
- Zhang GX, Qiao GX, Zhong TS et al (1999) Fauna sinica insecta. Homoptera: Mindaridae and Pemphigidae, vol. 14. Beijing: Science Press.

Received December 01, 2021

Received February 15, 2022

Accepted May 18, 2023