

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 基于核内核糖体小亚基序列的蝗总科系统发育关系分析

作者: 印红¹, 李新江¹, 王文强^{1,2}, 印象初^{1,3}

摘要: 用核糖体SSURdna全序列对蝗总科(Acridoidea)进行了分子系统学研究。依据测定的8种蝗虫的SSU Rdna全序列(平均 1.844 bp), 并从GenBank中选取了6种内群种类和2种外群种类的SSU Rdna同源序列, 进行序列分析。利用Clustal、MEGA 和 PHYLIP 软件构建分子系统树(距离邻接法Neighbor-Joining, NJ; 最小进化法 Minimum Evolution)。结果显示: (1) 蝗总科是一个单系类群; (2) 锥头蝗科(Chrotogonidae)和瘤锥蝗科(Pyrgomorphae)亲缘关系较近, 为蝗总科最原始的类群; (3) 网翅蝗科(Arcypteridae)和槌角蝗科(Gomphoceridae)有较近的亲缘关系; (4) 斑翅蝗科(Oedipodidae)为最进化的类群; (5) SSU Rdna序列保守性强, 转换transition)取代的速率大于或接近颠换(transversion)取代的速率; (6) 在系统树中, 总科首先分离, 大多数同科不同属的类群以高置信度聚合在一起, 说明SSU Rdna序列适合用于蝗总科的系统发育关系分析。

关键词: 蝗总科; SSU rDNA; 分子系统发育

这篇文章摘要已经被浏览 63 次, 全文被下载 49 次。

[下载PDF文件 \(322534 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>