

[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: 应用16S rDNA序列探讨斑腿蝗科的单系性及其亚科的分类地位

作者: 刘殿锋, 蒋国芳, 时号, 孙正莉, 霍光明

摘要: 本文测定了斑腿蝗科10亚科20种蝗虫和其他蝗科3种蝗虫的线粒体16S rDNA部分序列, 并从GenBank中下载了15种蝗亚目昆虫的16S rRNA基因相应序列片段。比对后的序列长度是397 bp, 其中有196个变异位点, 157个简约信息位点, A+T平均含量为71.7%, C+G平均含量为28.3%。以序列差异比值为横坐标, 以碱基转换数和颠换数为纵坐标作散点图, 结果表明颠换多于转换, 且随着差异程度的增加, 转换明显出现了饱和。以蚱总科的日本蚱 *Tetrix japonica* 和卡尖顶蚱 *Teredorus carmi chaeli* 作外群, 用ME、等权MP、加权MP及贝叶斯法重建系统发生树。分子系统树表明, 斑腿蝗科并非是一单系群, 该科的切翅蝗亚科与稻蝗亚科也均不是一单系群; 卵翅蝗、伪稻蝗和稻蝗三者有很近的亲缘关系; 支持将黑蝗亚科和秃蝗亚科合为一个亚科——秃蝗亚科; 现行的稻蝗亚科并非一单系群, 而是一多系群。分子系统学研究结果和传统的基于形态特征的斑腿蝗科分类体系有很大的不同。

关键词: 蝗亚目; 斑腿蝗科; 16S rDNA; 单系性; 系统发生; 分类地位

通讯作者: 蒋国芳 (E-mail: [cnjgfl208@163.com](mailto:cnjgfl208@163.com)).

这篇文章摘要已经被浏览 195 次, 全文被下载 78 次。

[下载PDF文件 \(1644521 字节\)](#)

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](mailto:kxcb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>