

昆虫学报 » 2013, Vol. 56 » Issue (9): 1055-1062 DOI:

综述

[最新目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#)[◀ Previous Articles](#) | [Next Articles ▶▶](#)

## 鞘翅目高级阶元分子系统学：研究现状及存在的问题

聂瑞娥, 杨星科\*

(中国科学院动物研究所, 动物进化与系统学院重点实验室, 北京 100101)

### Higher level phylogeny of Coleoptera based on molecular methods: current status and problems

NIE Rui-E, YANG Xing-Ke\*

(Key Laboratory of Zoological Systematics and Evolution, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: [PDF \(1407 KB\)](#) [HTML \(1 KB\)](#) 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) [背景资料](#)

**摘要** 鞘翅目是世界上物种最丰富的类群, 分为原鞘亚目 (Archostemata Kolbe, 1908)、藻食亚目 (Myxophaga Crowson, 1955)、肉食亚目 (Adephaga Schellenberg, 1806) 和多食亚目 (Polyphaga Emery, 1886)。随着分子生物学的发展, 分子系统学的技术被广泛应用于鞘翅目系统学研究中。本文综述了鞘翅目高级阶元的分子系统学的研究进展及存在问题。基于分子生物学手段, 分子分类学家提出了关于鞘翅目高级阶元分子系统学很多假说, 分子分析结果支持鞘翅目的4个亚目各为单系, 而亚目间的系统关系还不统一。基于分子手段对于亚目内的系统发育关系的研究也有了一定的进展, 比如: 分子系统学结果支持肉食亚目的水生类群和陆生类群分别为单系, 水生类群为一次起源。目前, 鞘翅目高级阶元分子系统学的研究还不够成熟和完善, 主要表现为: 材料选择有限且不均衡、基因数目和适合度不理想, 以及一些关键节点研究的欠缺。

**关键词:** 鞘翅目 高级阶元 分子系统学 系统发育 分类系统 单系

**Abstract:** Coleoptera is the most diverse among all organismal lineages, which is subdivided into four suborders, *i. e.*, Archostemata (Kolbe, 1908), Myxophaga (Crowson, 1955), Adephaga (Schellenberg, 1806) and Polyphaga (Emery, 1886). With the popularity of molecular biology, the research of molecular phylogeny of Coleoptera has been improved a lot. In this article, the progress and problems in the research of higher level molecular phylogeny of Coleoptera were reviewed. Based on molecular methods, many hypotheses were proposed. Most of them supported that the four suborders are all monophyletic, while their relationship is still unclear. The molecular phylogenetic relationship of superfamilies or families of each suborder also got much understanding. For example, molecular results supported that Adephaga could be divided into two groups, *i. e.*, Hydraphaga and Geadephaga, which were sister groups, indicating a single colonization of the aquatic medium. Currently, the higher level phylogenetic studies of Coleoptera based on molecular methods are not mature and perfect, and this is mainly manifested in limited material selection, uneven number and unsatisfactory fitness of genes, and lack of researches of some key nodes.

**Key words:** Coleoptera higher category molecular phylogenetics phylogeny classification system monophyly

#### 服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

#### 作者相关文章

#### 引用本文:

. 鞘翅目高级阶元分子系统学：研究现状及存在的问题[J]. 昆虫学报, 2013, 56(9): 1055-1062.

. Higher level phylogeny of Coleoptera based on molecular methods: current status and problems[J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2013, 56(9): 1055-1062.

#### 链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2013/V56/I9/1055>

- [1] Monika MIGLANI, Surendra Kumar GAKHAR. 印度疟疾媒介库态按蚊卵黄蛋白原基因的克隆与生物信息学分析(英文)[J]. 昆虫学报, 2013, 56(9): 1063-1074.
- [2] 于毅, 王静, 陶云荔, 国栋, 褚栋. 铃木氏果蝇不同地理种群中 *Wolbachia* 的检测和系统发育分析[J]. 昆虫学报, 2013, 56(3): 323-328.
- [3] 李彤, 武予清, 肖金花, 段云, 蒋月丽, 苗进, 巩中军. 小麦和大豆蚜虫中内共生菌 *Wolbachia* 的感染检测和系统发育分析[J]. 昆虫学报, 2013, 56(2): 195-200.
- [4] 郑巍, 罗阿蓉, 史卫峰, 郑为民, 朱朝东. 系统发育分析中的最大简约法及其优化[J]. 昆虫学报, 2013, 56(10): 1217-1228.
- [5] 于卫卫, 杜予州, 李伟东. 海南地区螺旋粉虱三类次级内共生菌的检测[J]. 昆虫学报, 2013, 56(1): 18-28.
- [6] 杨聪慧, 韩辉林, 迟美妍, 金倩, 武春生, 朱朝东, 张爱兵. DNA条形码技术在北京百花山地区夜蛾科物种鉴定中的应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55(9): 1082-1092.
- [7] 常虹, 郝德君, 肖荣堂, 刘勇, 钱路, 安榆林, 杨晓军. 基于线粒体CO I 基因的齿小蠹属昆虫 DNA条形码研究[J]. 昆虫学报, 2012, 55(9): 1075-1081.
- [8] 吴培福, 熊忠平, 徐磊, 黄阳洋, 潘涌智. 番石榴实蝇和瓜实蝇的线粒体L-rRNA基因测序及双翅目昆虫L-rRNA基因的结构特征与系统发育关系分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(8): 921-932.
- [9] 王甸洪, 吴伟坚, 符悦冠. 螺旋粉虱成虫体内细菌群落多样性的PCR-DGGE 和16S rRNA文库序列分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(7): 772-781.
- [10] 周岩岩, 董胜张, 白旭, 俞晓平. 三种稻飞虱体内类酵母共生菌18S rDNA和 ITS 5.8S rDNA序列克隆及进化分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(4): 482-487.
- [11] 乔玮娜, 万方浩, 张爱兵, 闵亮, 张桂芬. DNA条形码技术在田间常见蓟马种类识别中的应用[J]. 昆虫学报, 2012, 55(3): 344-356.
- [12] 薛夏, 彭伟录, Muhammad Z. AHMED, Nasser S. MANDOUR, 任顺祥, Andrew G. S. CUTHBERTSON, 邱宝利. 中国寄生烟粉虱的三种恩角蚜小蜂 28S rRNA系统发育分析(英文)[J]. 昆虫学报, 2012, 55(2): 189-198.
- [13] 杨筱慧, 朱道弘, 刘志伟, 赵玲. 湖南三地区麦氏安瘦蜂体内 *Wolbachia* 的感染及其 *wsp* 基因序列分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(2): 247-254.
- [14] 李国宏, 尚娜, 魏建荣. 萧氏松茎象线粒体基因组全序列测定与分析[J]. 昆虫学报, 2012, 55(11): 1306-1314.
- [15] 刘超, 任国栋. 基于防御腺特征的琵甲族属级阶元系统发育关系分析(鞘翅目: 拟步甲科)[J]. 昆虫学报, 2012, 55(10): 1205-1220.

版权所有 © 2010 《昆虫学报》编辑部

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院5号中国科学院动物研究所 邮编: 100101

电话: 010-64807173 传真: 010-64807099 E-mail: kcxb@ioz.ac.cn 网址: <http://www.insect.org.cn>

本系统由北京玛格泰克科技发展有限公司设计开发 技术支持: [support@magtech.com.cn](mailto:support@magtech.com.cn)

京ICP备05064604号-14