

基于形态特征和mtDNA COI序列的北美五倍子蚜分类和系统发育地位研究

庞雅文, 马恩波, 任竹梅

Taxonomic and phylogenetic status of *Rhus* gall aphid *Melaphis rhois* (Homoptera: Pemphigidae) from North America based on morphological characters and mtDNA COI gene sequence

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: [PDF \(5110 KB\)](#) [HTML \(1 KB\)](#) 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) [背景资料](#)

摘要 五倍子蚜共6属12种, 除北美分布1属1种外, 其余分布东亚。本研究采用数值分类和分子系统发育分析方法对北美五倍子蚜 *Melaphis rhois* 的形态特点和分类地位进行研究, 以倍蚜6属8种179个有翅孤雌蚜为研究对象, 对其头部、胸部、腹部的直接测量特征48个、量度间比例特征31个及转化为数值的描述特征29个共108个特征进行分析。基于欧氏距离的聚类结果显示, 北美倍蚜 *M. rhois* 与倍蚜属关系较近, 五倍子蚜8个种共形成3个大的聚类簇, 北美倍蚜 *M. rhois* 与倍蚜属的倍蚜 *Schlechtendalia peitan* 和角倍蚜 *S. chinensis* 聚为一支; 铁倍蚜属的肚倍蚜 *Kaburagia rhusicola ovogallis* 和肚倍蚜 *K. rhusicola ensigallis* 与小铁枣蚜属的红小铁枣蚜 *Meitanaphis elongallis*、圆角倍蚜属的倍花蚜 *Nurudea shiraii* 和红花蚜 *N. yanoiella* 与铁倍花蚜属的铁倍花蚜 *Floraphis meitanensis* 分别聚为一支。另外, 测定五倍子蚜8个种共16个样本的mtDNA COI 基因序列(约1.2 kb), 最大简约法(maximum parsimony, MP)和最大似然法(maximum likelihood, ML)分子系统发育分析结果均显示北美倍蚜 *M. rhois* 与倍蚜属的关系密切, 和形态数据得到的结果一致; 但倍蚜8个种之间的聚类总体上与形态学研究结果不太一致, 铁倍花蚜属的铁倍花蚜和小铁枣蚜属的红小铁枣蚜、铁倍蚜属的肚倍蚜 *K. rhusicola ovogallis* 和圆角倍蚜属的倍花蚜和红花蚜分别聚为一支, 彼此之间的关系尚需深入研究。

关键词: 五倍子蚜 北美倍蚜 数值分类 COI 基因序列 系统发育

Abstract: *Rhus* gall aphids include six genera and 12 species, and are mainly distributed in East-Asia with only one species *Melaphis rhois* in North America. Based on morphological characteristics and molecular data, we studied the taxonomic status of the North America species *M. rhois*. The numerical taxonomy on eight species from six genera of *Rhus* gall aphids was studied using hierarchical clustering analysis. A total of 108 morphological characters from 179 individuals of the alate adults were evaluated from all parts of aphid body, among which 48 characters from head, thorax and abdomen were directly measured, 31 characters were the ratio from two measured characters, and the rest were numerical values converted from morphological characters. The cladistic analysis based on the Euclidean distance showed that the eight *Rhus* gall aphid species are clustered into three clades, among which the North America species *M. rhois* is closely clustered with the two species from the genus *Schlechtendalia*; the two species from *Nurudea* and *Floraphis meitanensis*, *Meitanaphis elongallis* and two subspecies from the genus *Kaburagia* are clustered as a group, respectively. In addition, the 1.2 kb DNA sequences of mtDNA COI gene from 16 individuals of eight *Rhus* gall aphid species were obtained. Both of the MP and ML phylogenetic trees showed that the eight *Rhus* gall aphid species are clustered into three clades, and the North America species *M. rhois* clustered closely with the genus *Schlechtendalia*, which are consistent with the results of the morphological analysis. However, the relationship between the three clusters are inconsistent with that based on the morphological data. In molecular trees, North America species *M. rhois* and two species from the genus *Schlechtendalia*, *F. meitanensis* and *M. elongallis*, and two species from *Nurudea* and two subspecies from the genus *Kaburagia* are clustered as three groups I, II and III, respectively. The group I and II have relatively close relationship, but with very low bootstrap value (<50%). It is necessary to collect more species and use more molecular data to resolve the phylogeny of *Rhus* gall aphids.

Key words: *Rhus* gall aphids *Melaphis rhois* numerical taxonomy COI gene sequence phylogeny

收稿日期: 2010-11-17; 出版日期: 2011-05-20

基金资助:

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

- 庞雅文
- 马恩波
- 任竹梅

通讯作者: 任竹梅 E-mail: zmren@sxu.edu.cn

作者简介: 庞雅文, 女, 1988年8月生, 山西晋城人, 硕士研究生, 主要从事分子生态学方面的研究, E-mail: yawen570@yahoo.com.cn

引用本文:

庞雅文, 马恩波, 任竹梅. 基于形态特征和mtDNA COI序列的北美五倍子蚜分类和系统发育地位研究[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 575-581.

PANG Ya-Wen, MA En-Bo, REN Zhu-Mei. Taxonomic and phylogenetic status of *Rhus* gall aphid *Melaphis rhois* (Homoptera: Pemphigidae) from North America based on morphological characters and mtDNA COI gene sequence[J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2011, 54(5): 575-581.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2011/V54/I5/575>

没有本文参考文献

- [1] 黄晓磊, 刘琳, 乔格侠. 蚜虫与其初级内共生菌进化关系: 假说及演化机理[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 582-588.
- [2] 柴焕娜, 杜予州, 吴海燕. 稻纵卷叶螟感染 *Wolbachia* 的 *ftsZ* 基因和 16S rDNA 基因的序列分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 416-424.
- [3] 吴静, 马雅军, 马颖. 基于 mtDNA 和 rDNA 基因序列的中国按蚊属塞蚊亚属种类的系统发育研究(双翅目: 蚊科)[J]. 昆虫学报, 2010, 53(9): 1030-1038.
- [4] 王中康, 田圣超, 贤家旭, 陈世伟, 刘婷婷, 殷幼平. 中国部分地区柑桔木虱体内感染 *Wolbachia* 的检测及其系统发育分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(9): 1045-1054.
- [5] 王渭霞, 罗举, 赖凤香, 傅强. 水稻褐飞虱内生共生细菌 *Arsenophonus* 的鉴定和系统分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(6): 647-654.
- [6] 黄原, 刘念, 卢慧莹. 直翅目昆虫线粒体基因组研究进展[J]. 昆虫学报, 2010, 53(5): 581-586.
- [7] 罗阿蓉, 张彦周, 乔慧捷, 史卫峰, Robert W. MURPHY, 朱朝东. 外群选择对隧蜂科(膜翅目: 蜜蜂总科)系统重建的影响[J]. 昆虫学报, 2010, 53(2): 192-201.
- [8] 严镇钧, 徐玲花, 曾庆韬, 金珊. 双翅目昆虫与脊椎动物内含子丢失和获得的比较分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(1): 38-46.
- [9] 沈媛, 杜予州, 金桂华, 邱宝利, 郑福山, 任顺祥. 基于 16S rDNA 基因的中国部分地区非 B 型烟粉虱系统发育关系分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(1): 82-90.
- [10] 孙庆华, 陈迎春, 王海波, D.A. DOWNIE, 翟衡. 我国根瘤蚜 mtDNA COI 遗传多样性与系统发育[J]. 昆虫学报, 2009, 52(8): 885-891.
- [11] 余昊, 万方浩. B 型烟粉虱和温室白粉虱热激蛋白 90 基因(hsp90)的全长 cDNA 克隆与系统发育分析[J]. 昆虫学报, 2009, 52(4): 363-371.
- [12] 杨宝山, 侯庆君, 王欢, 李喜升, 姜德富, 刘彦群, 秦利. 不同地理种群银杏大蚕蛾 COI 基因序列变异与遗传分化[J]. 昆虫学报, 2009, 52(4): 406-412.
- [13] 古小彬, 杨光友, 赖松家, 王帅. 基于线粒体细胞色素氧化酶 I (COI) 序列的猪和兔四个疥螨分离株的系统发育关系分析[J]. 昆虫学报, 2009, 52(4): 465-472.
- [14] 邹方振, 郝家胜, 黄敦元, 张大秀, 朱国萍, 朱朝东. 基于线粒体 ND1 和 16S rRNA 基因序列探讨中国蝴蝶 12 科的系统发育关系(鳞翅目: 双孔次亚目: 蝶类)[J]. 昆虫学报, 2009, 52(2): 191-201.
- [15] 杜周和, 刘俊凤, 刘斌彬, 董占鹏, 余泉友, 鲁成, 陈义安. 基于 amy 基因的中国野桑蚕遗传多样性及其与家蚕的系统发育关系[J]. 昆虫学报, 2009, 52(12): 1338-1348.

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

京ICP备05064604号