

[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18S rDNA的蝗总科分子系统发育关系研究及分类系统探讨

作者: 刘殿锋, 蒋国芳*

摘要: 将自测的我国直翅目蝗总科7科7种和从GenBank中下载的17种直翅目昆虫的18S rDNA序列片段进行了同源性比较, 用似然比检验的方法对序列比对结果进行了碱基替代模型的选择, 以蚱总科的 *Paratettix cucullatus* 和蝻总科的 *Stiphra robusta* 作外群, 用NJ、MP、ML和贝叶斯法构建了分子系统树。在获得的1 849 bp的序列中, 有205个变异位点, 74个简约信息位点; A、T、C和G的碱基平均含量分别为23.9%、24.3%、23.8%和28.0%, 碱基组成基本上无偏异。分子系统树表明: 所研究的内群聚为4支, 锥头蝗科、瘤锥蝗科、斑腿蝗科、网翅蝗科、槌角蝗科和剑角蝗科都不是单系。建议将蝗总科分为4科, 即锥头蝗科、大腹蝗科、癩蝗科和蝗科。

关键词: 直翅目; 蝗总科; 18S rDNA; 分子系统树; 系统发育; 分类系统

通讯作者: 蒋国芳 (E-mail: cnjgf1208@163.com).

这篇文章摘要已经被浏览 119 次, 全文被下载 76 次。

[下载PDF文件 \(374041 字节\)](#)

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>