

动物科学

基于线粒体DNA全序列11个蛋白编码基因拼接序列的鳞翅目昆虫系统发育研究*

李青青1, 段焰青2, 李地艳1, 3, 李加敏1, 刘晓飞4, 徐怀亮3, 李佛琳5, 周汝敏1, 曹能1, 叶辉4**

- [1 云南师范大学 生命科学学院, 云南 昆明 650092;
2 红云红河烟草(集团)有限责任公司技术中心, 云南 昆明 650202;
3 四川农业大学 动物科技学院, 四川 雅安 625014;
4 云南大学 生命科学学院, 云南 昆明 650091;
5 云南农业大学 烟草学院, 云南 昆明 650201]

收稿日期 2009-4-14 修回日期 2009-7-1 网络版发布日期 接受日期

摘要 目前已测定线粒体DNA全序列的鳞翅目昆虫有12种。由于高变异性和强核苷酸组成偏好性, 去除了两个蛋白基因和两个物种, 最终以10个鳞翅目物种的11个蛋白编码基因拼接序列对鳞翅目分子系统发育关系进行了研究。与前人的结果一致, 基于11个蛋白编码基因拼接序列数据所构的最大似然树支持鳞翅目, 鳞翅目内各总科和各科均为单系群。与MINET [1] 基于形态学数据的结果相同, 各总科的系统发育关系为{卷蛾总科+ [螟蛾总科+ (尺蛾总科+ 蚕蛾总科)]}。蚕蛾总科内各科系统发育关系类似于REGIER等 [2] 的结论。

关键词 [鳞翅目; 系统发育; 线粒体DNA全序列](#)

分类号 [Q 963](#)

DOI:

通讯作者:

yehui@ynu.edu.cn

作者个人主页: 李青青1;段焰青2;李地艳1;3 ;李加敏1;刘晓飞4;

徐怀亮3;李佛琳5;周汝敏1;曹能1;叶辉4**

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1009KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“鳞翅目; 系统发育; 线粒体DNA全序列 ”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [李青青](#)

· [段焰青](#)

· [李地艳](#)

·

· [李加敏](#)

· [刘晓飞](#)

· [徐怀亮](#)

· [李佛琳](#)

· [周汝敏](#)

· [曹能](#)