



: 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: 基于线粒体CO I 和Cytb基因序列的锯眼蝶亚科和眼蝶亚科的系统发育分析
(鳞翅目: 眼蝶科)

作者: 殷先兵, 郝家胜, 许丽, 朱国萍, 黄敦元, 潘鸿春, 张小平
(安徽师范大学生命科学学院分子进化与生物多样性研究室, 安徽芜湖 241000)

摘要: 为了阐明眼蝶科内一些存疑类群间的系统发生关系, 本研究测定了其中最大的2个亚科锯眼蝶亚科和眼蝶亚科中分布于中国的9族17属21个种的CO I 和Cytb基因的部分序列, 并结合从GenBank中下载的2个国外种类的同源序列, 进行了序列变异和系统发生分析。序列分析结果显示: 处理后的2基因总长度为1 056 bp, 其中保守位点648个, 可变位点408个, 简约信息位点316个; A+T的平均含量为70.8%, 明显高于C+G的平均含量29.2%。以蛱蝶科的2个物种为外群, 通过邻接法、最大简约法和贝叶斯法重建了分子系统树, 探讨了这两个亚科及其主要类群的系统发生关系, 结果表明: 眼蝶亚科、锯眼蝶亚科以及黛眼蝶族均为多系类群; 眉眼蝶族和黛眼蝶族应从锯眼蝶亚科分离出来, 归入眼蝶亚科; 眼蝶族、白眼蝶族和莽眼蝶族可能具有较近的共同祖先; 古眼蝶族、眉眼蝶族和矍眼蝶族三者之间具有较近的亲缘关系。

关键词: 鳞翅目; 眼蝶科; CO I 基因; Cytb基因; 分子系统树; 系统发育

通讯作者: 郝家胜 (E-mail: jshaonigpas@sina.com).

这篇文章摘要已经被浏览 138 次, 全文被下载 111 次。

[下载PDF文件 \(354736 字节\)](#)

您是第: **360493** 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: kcxb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>