

基于线粒体 COI 基因片段的麻蝇属(双翅目:麻蝇科)部分种类 DNA 分类研究*

张明 张东**

(北京林业大学生物科学与技术学院 北京 100083)

摘要 本研究在 Pape(1996)提出的麻蝇属(双翅目:麻蝇科)分类系统基础上,选取麻蝇属 54 个物种(分属于 30 个亚属),基于线粒体 COI 基因片段,结合雄性成蝇尾器形态特征,对所选取的 30 个亚属进行了 DNA 分类研究,初步探明了各亚属的分类地位与系统发育关系。麻蝇属 30 个亚属内的平均遗传距离为 6.0% (1.8% ~ 11.0%),各亚属间的平均遗传距离为 10.1% (5.2% ~ 16.1%),亚属内与亚属间遗传距离差异较为明显,说明 COI 基因片段对麻蝇属各亚属级阶元能进行有效区分。

关键词 麻蝇科,麻蝇属,DNA 分类,COI 基因

DNA taxonomy of some *Sarcophaga* species (Diptera: Sarcophagidae) based on the mitochondrial COI gene fragment

ZHANG Ming ZHANG Dong**

(College of Biological Sciences and Biotechnology, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract Based on the classification system of Pape (1996), fifty-four *Sarcophaga* species belonging to 30 valid subgenera were selected as the ingroup in this study. The taxonomic status and phylogenetic relationships these subgenera are discussed, based on the mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) gene, combined with morphology of the male terminalia. The mean genetic distance within the same subgenus was 6.0% (1.8% -11.0%), and the mean genetic distance between subgenera was 10.1% (5.2% -16.1%). This analysis indicates that the COI gene fragment can be utilized to distinguish different *Sarcophaga* subgenera.

Key words sarcophagidae, *Sarcophaga*, DNA taxonomy, COI gene

麻蝇属 *Sarcophaga* Meigen 隶属于双翅目 Diptera 麻蝇科 Sarcophagidae, 是麻蝇科第一大属, 世界已知 133 亚属 790 余种 (Pape, 1996), 中国已知 49 亚属 160 余种 (Fan and Pape, 1996)。许多麻蝇属物种是出现在动物尸体上的先驱种, 因而麻蝇的前成虫期在尸体上的寄生状况可作为推断死亡时间的重要参考, 具有重要的法医学研究意义 (Wells *et al.*, 2001; 陈庆等, 2009; Guo *et al.*, 2012; Jordaens *et al.*, 2012)。由于麻蝇属种类多, 分布广, 属内各虫态的形态特征极为相似, 特别是雌性成虫、各龄期幼虫的鉴定都缺少有效的区别特征, 种类鉴定过于依靠雄性成虫的尾器形态

(Rohdendorf, 1937; Séguy, 1941; Pape, 1987; 范滋德, 1992; 薛万琦和赵建铭, 1996), 使得该属物种的准确鉴定十分困难。世界麻蝇科分类权威 Pape (1996) 依据麻蝇的形态学特征将该属进行了重新修订, 将原属于麻蝇族 Sarcophagini 的各属及其亚属都归入麻蝇属中作为麻蝇属的亚属, 造成麻蝇属与其各亚属间的分类地位和系统发育关系颇具争议 (Pape, 1987; 范滋德, 1992; Fan and Pape, 1996; 薛万琦和赵建铭, 1996), 同时 Pape (1996) 也提出该分类体系的合理性有待于进一步的研究。

近年来, 线粒体基因 COI 序列在蝇类, 特别是麻蝇的物种鉴定和系统发育研究方面提供了更为

* 资助项目: 国家自然科学基金 (31201741); 中国博士后科学基金 (20100470009, SFG-201104059)。

** 通讯作者, E-mail: ernest8445@163.com

收稿日期: 2012-12-07, 接受日期: 2012-12-30

客观、有效的依据 (Zehner *et al.*, 2004; Song *et al.*, 2008; Tan *et al.*, 2010; Guo *et al.*, 2011, 2012; Jordaens *et al.*, 2012)。但此前有关麻蝇的 DNA 分类研究多注重于种级阶元的准确鉴定 (Tan *et al.*, 2010; Guo *et al.*, 2011, 2012; Jordaens *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2012), 而对于亚属及属级阶元的分类地位及其系统发育关系的探讨较少。本研究基于线粒体 COI 基因片段 (750 bp) 对麻蝇属内的 30 个亚属 (涵盖麻蝇属 23% 已知亚属) 进行 DNA 分类研究, 并结合雄性成蝇的尾器形态进一步的分析, 以期探明所选麻蝇属 30 个亚属的分类地位与系统发育关系, 并探讨线粒体 COI 基因片段对麻蝇属及各亚属区分的有效性。

1 材料与方法

1.1 材料

本文选取 58 个样品, 分别代表了麻蝇科麻蝇属 30 个亚属 54 种 (包括 Pape, 1996 未归入亚属的 2 种)、拉麻蝇属 *Ravinia* 2 种、长肛野蝇属 *Angiometopa* 1 种和丽蝇科 Calliphoridae 金蝇属 *Chrysomya* 1 种。其中 52 个种的序列信息来自 GenBank (表 1, 截止日期: 2012-10-9), 本研究加入了分属于麻蝇属 6 个亚属的 6 种麻蝇, 补充了 4 个亚属的数据, 标本信息如下: 台南钳麻蝇 *Sarcophaga (Bellieriomima) josephi* Boettcher [1 ♂, 北京林业大学校园, 2012-9-15]; 红尾粪麻蝇 *Sarcophaga (Bercaea) africa* (Wiedemann) [1 ♂, 北京林业大学校园, 2012-5-12]; 黑尾黑麻蝇 *Sarcophaga (Helicophagella) melanura* Meigen [1 ♂, 山东潍坊峡山, 2012-7-16]; 卷阳何麻蝇 *Sarcophaga (Hoa) flexuosa* Ho [1 ♂, 北京林业大学校园, 2012-5-14, 中国特有种, 模式产地: 北京]; 秉氏德麻蝇 *Sarcophaga (Pandelleisca) pingi* Ho [1 ♂, 北京林业大学校园, 2012-9-15, 模式产地: 北京]; 白头亚麻蝇 *Sarcophaga (Parasarcophaga) albiceps* Meigen [1 ♂, 北京林业大学校园, 2012-5-4]。

1.2 方法

1.2.1 总 DNA 提取、DNA 扩增及测序 剪取干制标本胸部肌肉组织, 采用标准的蛋白酶 K-酚氯仿法进行 DNA 提取 (Zehner *et al.*, 2004)。PCR 引物参照 Kutty 等 (2007), 反应体系 25 μL (2.5 μL 10 $\times$ Taq buffer (含 Mg^{2+}), 2 μL dNTP (各 2.5

mmol/L), 双向引物 (10 $\mu\text{mol/L}$) 各 0.5 μL , DNA 模板 1 μL , Taq 酶 0.2 μL , 双蒸水 18.3 μL , 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 10 min, 循环 35 次 (94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 40 s, 52 $^{\circ}\text{C}$ 退火 40 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 90 s), 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。PCR 产物取 2 μL 进行 1.5% 琼脂糖凝胶电泳, 观察扩增情况, 其余产物保存于 -20 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱中。成功的 PCR 产物各取 5 μL 移交北京华大基因公司 (BGI) 进行正反向测序。运用 DNASTar5.0 软件包中的 Seqman 程序进行校对及拼接。上传至 GenBank, 所得登录号见表 1。

1.2.2 系统发育关系分析 运用 MEGA4.0 软件进行序列比对和碱基平均组成分析, 采用 Kimura's two parameter (K2P) 模型进行遗传距离分析; 使用 DAMBE5.3.8 软件进行饱和度分析检测 (Xia *et al.*, 2003, Xia and Lemey, 2009); 使用 jModeltest0.1.1 软件筛选贝叶斯法 (Bayesian inference) 的最适模型为 TIM2 + I + G (Guindon and Gascuel, 2003; Posada, 2008), 不可变位点估计值比例 Pinvar = 0.519, Gamma 参数为 0.507, 使用 MrBayes3.2 软件进行贝叶斯树的构建 (Huelsenbeck and Ronquist, 2001); 使用 Phym3.0 软件, 选取 GTR + I + G 模型, 进行最大似然法 (Maximum likelihood, ML) 系统发育树的构建; 使用 PAUP * 4.0b10 软件进行最大简约法 (Maximum parsimony, MP) 系统发育树的构建 (Swofford, 2003)。使用 FigTree1.3.1 软件对所建系统发育树进行查看, 并使用 Adobe Photoshop CS3 软件进行图片处理。

2 结果与分析

本研究中麻蝇属 54 个物种的碱基平均组成为 A = 31.9%, C = 16.7%, G = 14.1%, T = 37.3%, A + T 达到 69.2%, 具明显的 A/T 偏向性; COI 序列总长 750 bp, 均是编码蛋白质的片段, 其中: 可变位点 300 个、保守位点 450 个、简约性位点 245 个、单变异位点 55 个; 饱和度分析检测 (双尾检验, P 值均小于 0.01, 图 1) 结果表明第三位点的转换和颠换不饱和, 因此所有位点均可以用于系统进化分析。

本研究获得的麻蝇属各亚属间的贝叶斯树 (图 3)、最大似然树 (图 4) 和最大简约树 (图 5) 的系统发育关系基本一致。但强棘麻蝇 *Sarcophaga robustispinosa* Sugiyama 在贝叶斯树和最大似然树

表 1 用于本研究的麻蝇属及外群物种 GenBank 登录号列表

Table 1 List of *Sarcophaga* and outgroup species including their GenBank accession numbers in this paper

科名 Family	种名 Species	GenBank 登录号
		GenBank accession no.
麻蝇科 Sarcophagidae	臂麻蝇 <i>Sarcophaga brachiata</i>	FJ479741
	强棘麻蝇 <i>Sarcophaga robustispinosa</i>	FJ479739
	透膜海麻蝇 <i>Sarcophaga (Alisarcophaga) gressitti</i>	FJ479727
	台南钳麻蝇 <i>Sarcophaga (Bellieriomima) josephi</i>	KC160487 *
	仿贝麻蝇 <i>Sarcophaga (Bercaepsis) mimoris</i>	GQ223325
	红尾粪麻蝇 <i>Sarcophaga (Bercaea) africa</i>	KC160491 *
	棕尾别麻蝇 <i>Sarcophaga (Boettcherisca) peregrina</i>	JX187396
	勺盘鬃麻蝇 <i>Sarcophaga (Discachaeta) cucullans</i>	JQ582017
	侏盘鬃麻蝇 <i>Sarcophaga (Discachaeta) pumila</i>	JQ582018
	曲突钩麻蝇 <i>Sarcophaga (Harpagophalla) kempi</i>	EF405947
	直叶黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) agnata</i>	JQ582019
	肥缘黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) crassimargo</i>	JQ582022
	多毛黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) hirticrus</i>	JQ582093
	黑尾黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) melanura</i>	KC160489 *
	新黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) noverca</i>	JQ582024
	奥卡利黑麻蝇 <i>Sarcophaga (Helicophagella) okaliana</i>	JQ582026
	仆欧麻蝇 <i>Sarcophaga (Heteronychia) ancilla</i>	JQ582027
	郭氏欧麻蝇 <i>Sarcophaga (Heteronychia) depressifrons</i>	JQ582029
	卷阳何麻蝇 <i>Sarcophaga (Hoa) flexuosa</i>	JX951428 *
	锯缘琦麻蝇 <i>Sarcophaga (Hosarcophaga) serrata</i>	FJ479734
	貂伊麻蝇 <i>Sarcophaga (Iranihindia) martellata</i>	FJ440844
	舞毒蛾克麻蝇 <i>Sarcophaga (Kramerea) schuetzei</i>	JQ582050
	拟疽麻蝇 <i>Sarcophaga (Krameromyia) anaces</i>	JQ582051
	丽缅甸麻蝇 <i>Sarcophaga (Lioproctia) aureolata</i>	EF405951
	值缅甸麻蝇 <i>Sarcophaga (Lioproctia) notabilis</i>	FJ479725
	盘突缅甸麻蝇 <i>Sarcophaga (Lioproctia) pattoni</i>	FJ479724
	腐缅甸麻蝇 <i>Sarcophaga (Lioproctia) saprianovae</i>	EF405945
	绯角红麻蝇 <i>Sarcophaga (Liopygia) ruficornis</i>	EF405940
	埃及蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) aegyptica</i>	JQ582054
	短角蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) brevicornis</i>	EF405936
	酱蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) dux</i>	EF405939
	蝗尸蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) jacobsoni</i>	JQ582058
	叉形蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) scopariiformis</i>	FJ479745
	纵纹蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) teretirostris</i>	JQ582060
	胫蛇麻蝇 <i>Sarcophaga (Liosarcophaga) tibialis</i>	JQ582061
	六刺圆麻蝇 <i>Sarcophaga (Mehria) sexpunctata</i>	JQ582074
	堆妙麻蝇 <i>Sarcophaga (Myorhina) sorrow</i>	JQ582021
	多美麻蝇 <i>Sarcophaga (Neobellieria) bullata</i>	GQ223344
	波利斯美麻蝇 <i>Sarcophaga (Neobellieria) polistensis</i>	GQ223328
	三美麻蝇 <i>Sarcophaga (Neobellieria) triplasia</i>	GQ223317
	肿额潘麻蝇 <i>Sarcophaga (Pandelleana) protuberans</i>	JQ582042
	秉氏德麻蝇 <i>Sarcophaga (Pandelleisca) pingi</i>	KC160488 *
	白头亚麻蝇 <i>Sarcophaga (Parasarcophaga) albiceps</i>	KC160490 *
	黄须亚麻蝇 <i>Sarcophaga (Parasarcophaga) misera</i>	EF405929
	奥氏亚麻蝇 <i>Sarcophaga (Parasarcophaga) omari</i>	FJ479742

续表 1 (Table 1 continued)

科名 Family	种名 Species	GenBank 登录号 GenBank accession no.
	褐须亚麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Parasarcophaga</i>) <i>taenionota</i>	EF405934
	爪哇叉麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Robineauella</i>) <i>javana</i>	FJ479732
	暗叉麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Robineauella</i>) <i>caerulescens</i>	JQ582108
	犁头丝麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Rosellea</i>) <i>aratrix</i>	JQ582067
	常麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Sarcophaga</i>) <i>variegata</i>	JQ582109
	拟羚足鬃麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Sarcorohdendorfia</i>) <i>inextricata</i>	EF405943
	拟东方辛麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Seniorwhitea</i>) <i>princeps</i>	EF405949
	裂特麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Thyrsocnema</i>) <i>incisilobata</i>	JQ582092
	槽叶异板麻蝇 <i>Sarcophaga</i> (<i>Varirosellea</i>) <i>uliginosa</i>	JQ582080
	怨拉麻蝇 <i>Ravinia querula</i>	GQ223316
	刺拉麻蝇 <i>Ravinia stimulans</i>	GQ223320
	茹长肛野蝇 <i>Angiometopa falleni</i>	JQ686221
丽蝇科 Calliphoridae	臭金蝇 <i>Chrysomya putoria</i>	AF352790

* 本次研究补充。
* This study added.

中分枝情况相同,而在最大简约树中有明显差别(图3~图5);另外,贝叶斯树和最大似然树中红尾粪麻蝇均在树基部与其他麻蝇物种分开,在最大简约树中甚至与外群聚为一枝(图3~图5)。

本研究 54 个麻蝇属物种间的平均遗传距离为 10.4%,同一亚属内聚为一枝的物种间遗传距离为 1.8%~11.0%,平均为 6.0%(表 2,图 2),各亚属间遗传距离为 5.2%~16.1%,平均为 10.1%(表 2,图 2)。对聚为一枝的亚属各物种间遗传距离进行测算,叉形蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *scopariiformis* Senior-White、奥氏亚麻蝇 *Sarcophaga* (*Parsarcophaga*) *omari* Kurahashi and Leh 与臂麻蝇 *Sarcophaga brachiata* Sugiyama 的平均遗传距离为 5.2%;埃及蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *aegyptica* Salem、短角蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *brevicornis* Ho、酱蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *dux* Thomson、蝗尸蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *jacobsoni* (Rohdendorf) 与胫蛇麻蝇 *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *tibialis* Macquart 平均遗传距离为 5.5%;白头亚麻蝇、黄须亚麻蝇 *Sarcophaga* (*Parsarcophaga*) *misera* Walker 与褐须亚麻蝇 *Sarcophaga* (*Parsarcophaga*) *taenionota* (Wiedemann) 平均遗传距离为 5.1%;直叶黑麻蝇 *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *agnata* Rondani、肥缘黑

麻蝇 *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *crassimargo* Pandellé、新黑麻蝇 *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *noverca* Rondani 与奥卡利黑麻蝇 *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *okaliana*(Lehrer) 平均遗传距离为 7.5%;丽缅甸麻蝇 *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *aureolata* Pape and Kurahashi、盘突缅甸麻蝇 *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *pattoni* Senior-White 与腐缅甸麻蝇 *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *saprianovae* Pape and Baenziger 平均遗传距离为 5.8%;勺盘鬃麻蝇 *Sarcophaga* (*Discachaeta*) *cucullans* Pandellé 与侏盘鬃麻蝇 *Sarcophaga* (*Discachaeta*) *pumila* Meigen 遗传距离为 6.5%;仆欧麻蝇 *Sarcophaga* (*Heteronychia*) *ancilla* Rondani 与郭氏欧麻蝇 *Sarcophaga* (*Heteronychia*) *depressifrons* Zetterstedt 遗传距离为 11.0%;多美麻蝇 *Sarcophaga* (*Neobellieria*) *bullata* Parker 与波利斯美麻蝇 *Sarcophaga* (*Neobellieria*) *polistensis* Hall 遗传距离为 3.2%。

3 讨论

本研究发现,在系统发育树上聚在一起的物种(叉形蛇麻蝇、奥氏亚麻蝇与臂麻蝇;埃及蛇麻蝇、短角蛇麻蝇、酱蛇麻蝇、蝗尸蛇麻蝇与胫蛇麻蝇;白头亚麻蝇、黄须亚麻蝇与褐须亚麻蝇;丽缅甸麻蝇、盘突缅甸麻蝇与腐缅甸麻蝇;勺盘鬃麻蝇与侏盘

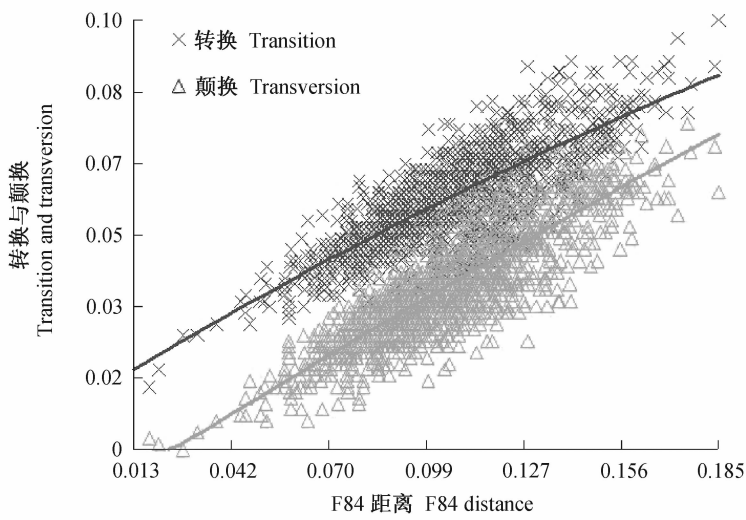


图 1 54 种麻蝇属物种 COI 基因序列 (750 bp) 替换饱和度散点图

Fig.1 The plot of substitution saturation for the COI gene fragment(750 bp) of 54 *Sarcophaga* species

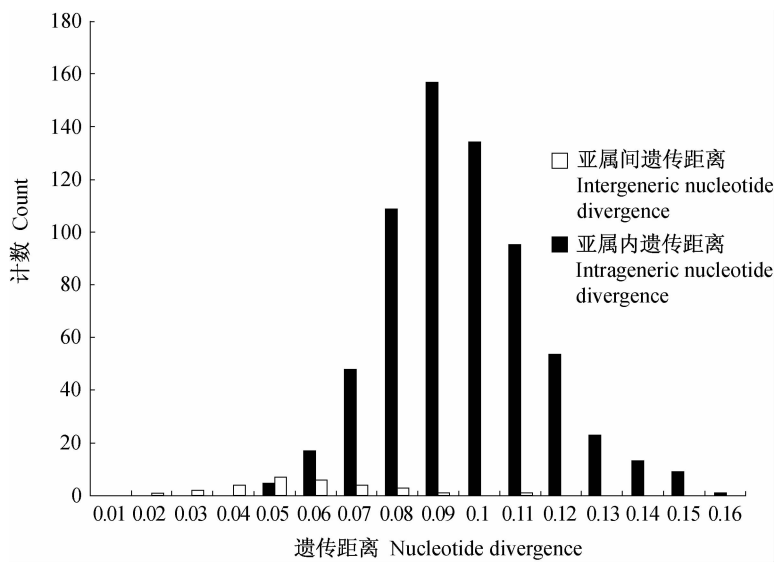


图 2 54 种麻蝇属物种 COI 基因序列 (750 bp) 亚属内与亚属间遗传距离

Fig.2 Histogram show nucleotide divergence of 54 *Sarcophaga* species in the same subgenus or between subgenera based on COI gene fragment (750 bp)

鬃麻蝇;多美麻蝇与波利斯美麻蝇等)之间的遗传距离约为 6.0% (表 2,图 2 ~ 图 5),30 个亚属间遗传距离的平均值为 10.1% (表 2,图 2),所选外群与所选亚属间遗传距离的平均值为 14.3%。说明本研究中采用的 COI 基因片段(750 bp)在所选取的麻蝇属 30 个亚属间与亚属内的遗传距离差异明显。

值缅甸麻蝇与本研究中选取的缅甸麻蝇亚属其他 3 种的遗传距离在 11.7% ~ 12.8% 之间,平均为

12.2%,明显大于本研究得出的麻蝇属各亚属内的平均遗传距离;同时比较该种与其他 3 种雄性成蝇尾器形态 (Kano and Lopes, 1969; Pape and Bänziger, 2000; Nandi, 2002),发现其“雄性成蝇尾器膜状部巨大,膜状突前端呈锯齿状”与其他本研究所选其他 3 种缅甸麻蝇差异明显(图 6),因此该种是否仍归在缅甸麻蝇亚属存在疑问。此外,研究还发现多毛黑麻蝇与研究所选取的黑麻蝇亚属其他 5 种的遗传距离在 9.1% ~ 12.7% 之间,平均为

型”,与本研究所选其他 5 种黑麻蝇存在明显差异(图 7),因此该种是否还应归入到黑麻蝇亚属需要进行进一步研究来确定。

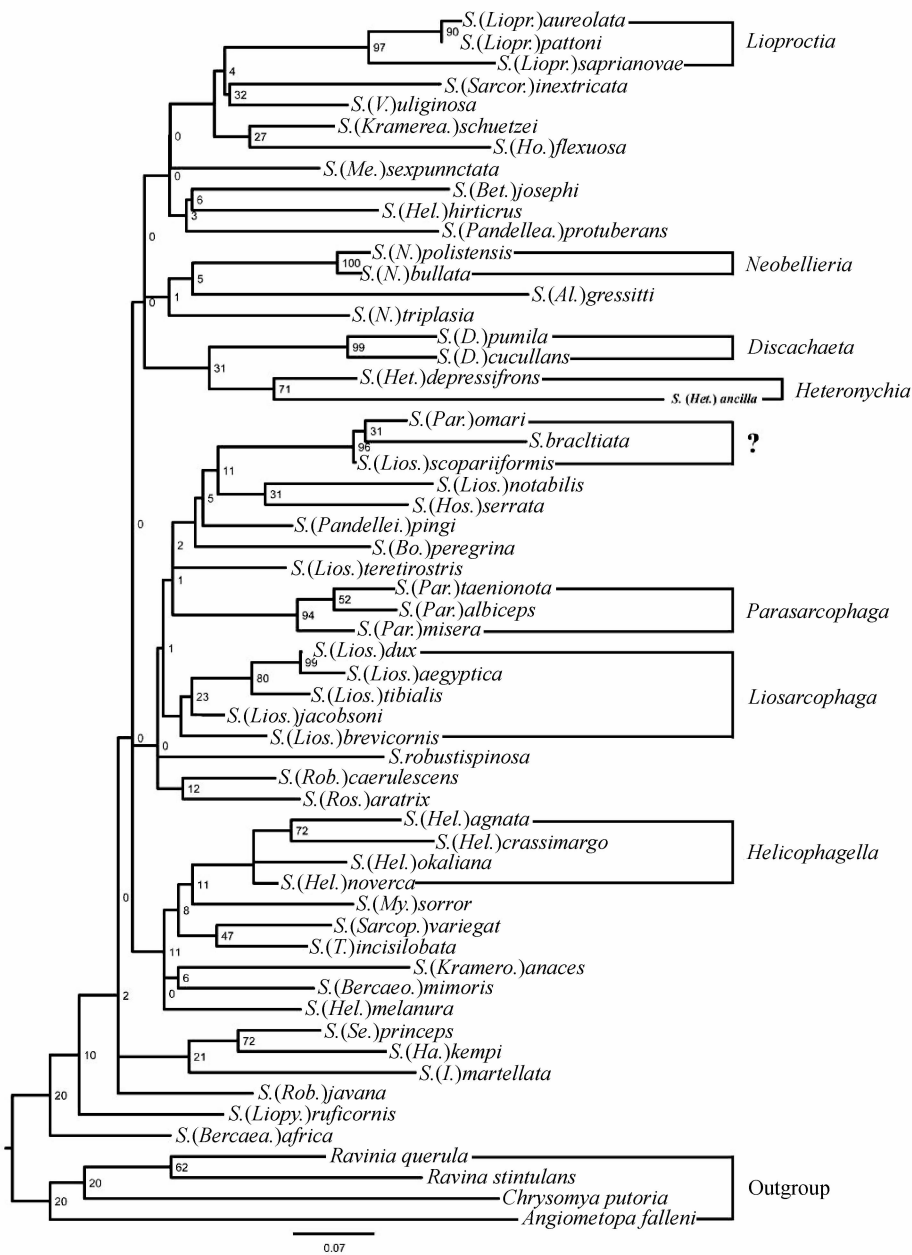


图 4 基于 COI 基因序列(750 bp)和 GTR + I + G 模型构建的麻蝇属最大似然树,分枝上数值为 Bootstrap 值

Fig. 4 Maximum likelihood tree of *Sarcophaga* is reconstructed based on COI gene fragment(750 bp) and GTR + I + G model,numbers around branches are Bootstrap value

叉形蛇麻蝇、奥氏亚麻蝇及 Pape (1996) 未归入亚属的臂麻蝇在系统发育树上聚为一枝(图 3 ~ 图 5 中“?”所示),比较 3 种雄性成蝇尾器形态 (Sugiyama *et al.*, 1990; 范滋德, 1992; Kurahashi and Leh, 2007),发现“前阳基侧突直,端部变尖,后阳基侧突宽短;肛尾叶渐向端部变尖,同时微向

前弯;侧阳体端部侧突分叉等”为这类物种共同的识别特征(图 8)。这 3 个物种不仅从系统发育树上独立于其他亚属,且与蛇麻蝇亚属的平均遗传距离为 9.6%,与亚麻蝇亚属的平均遗传距离为 10.1%。基于形态与分子的数据,建议为这 3 种麻蝇建立一个新亚属。而另一个 Pape (1996) 未归

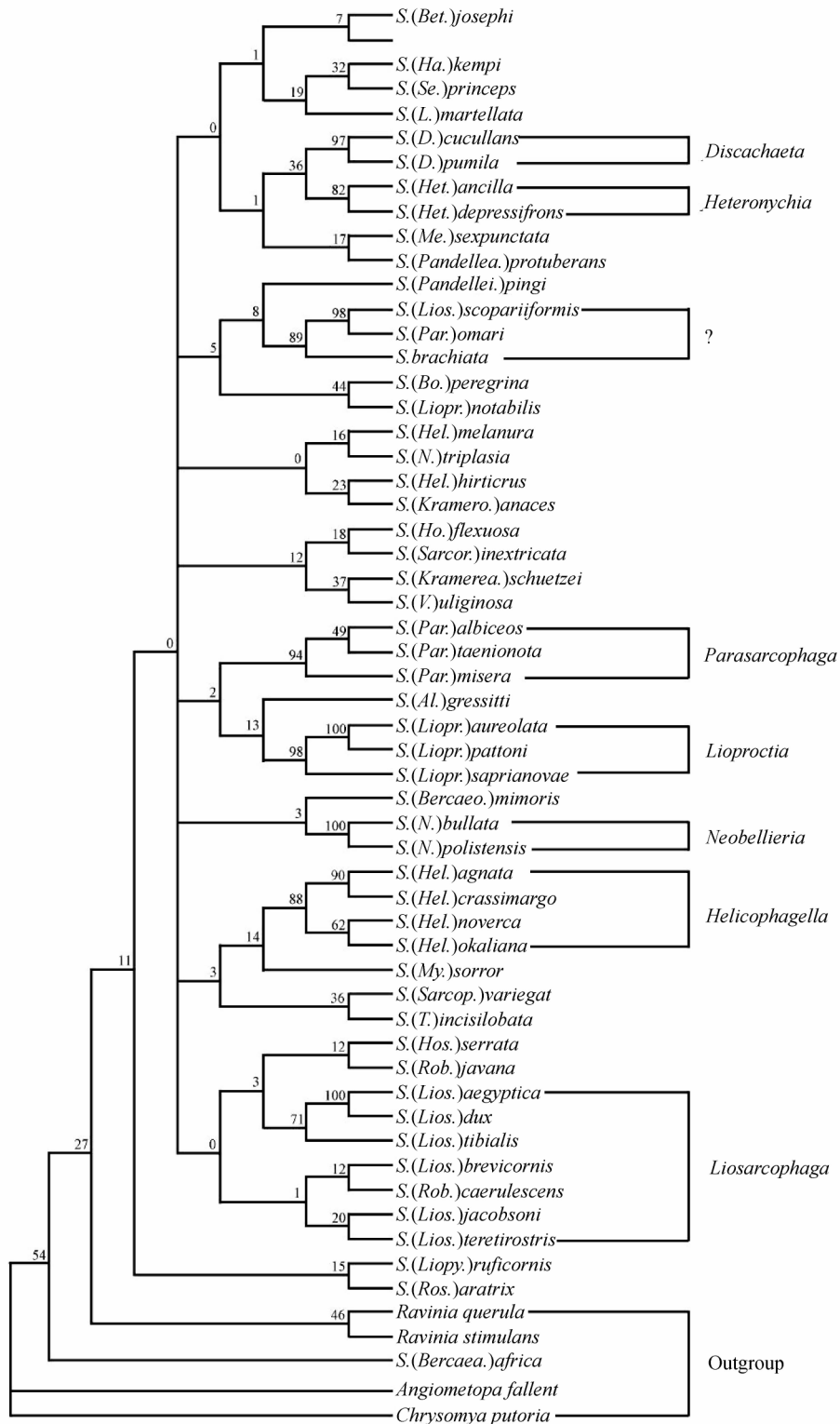


图 5 基于 COI 基因序列 (750 bp) 构建的麻蝇属最大简约树,分枝上数值为 Bootstrap 值

Fig.5 Maximum parsimony tree of *Sarcophaga* is reconstructed based on COI gene fragment(750 bp) from 54 *Sarcophaga* species in 30 subgenera,numbers around branches are Bootstrap value

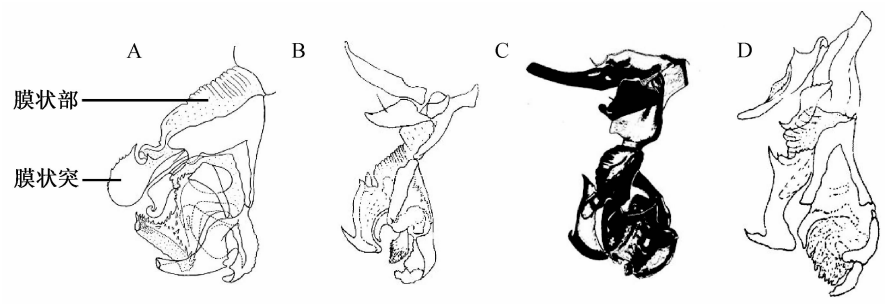


图 6 麻蝇属缅麻蝇亚属中 4 种雄性成蝇阳体左侧面观

Fig. 6 Four species of subgenus *Sarcophaga* (*Lioproctia*) Enderlein, male phallus, left lateral view

A. 值缅麻蝇, 仿 Kano and Lopes, 1969; B. 腐缅麻蝇, 仿 Pape and Bänziger, 2000; C. 丽缅麻蝇, 仿 Pape and Kurahashi, 2000; D. 盘突缅麻蝇, 仿 Nandi, 2002。

A. *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *notabilis*, following Kano and Lopes, 1969; B. *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *saprianovae*, following Pape and Bänziger, 2000; C. *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *aureolata*, following Pape and Kurahashi, 2000; D. *Sarcophaga* (*Lioproctia*) *pattoni*, following Nandi, 2002.

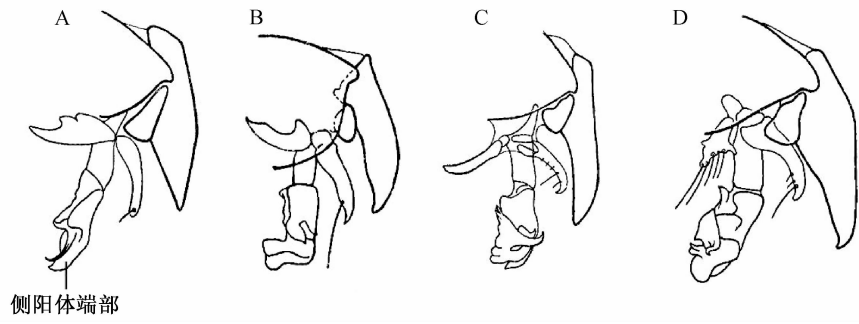


图 7 麻蝇属黑麻蝇亚属中 4 种雄性成蝇尾器左侧面观

Fig. 7 Four species of *Sarcophaga* (*Helicophagella*) Enderlein, male terminalia, left lateral view

A. 多毛黑麻蝇, 仿 Séguy, 1941; B. 直叶黑麻蝇, 仿 Séguy, 1941; C. 肥缘黑麻蝇, 仿 Séguy, 1941; D. 新黑麻蝇, 仿 Séguy, 1941。

A. *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *hirticrus*, following Séguy, 1941; B. *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *agnata*, following Séguy, 1941; C. *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *crassimargo*, following Séguy, 1941; D. *Sarcophaga* (*Helicophagella*) *noverca*, following Séguy, 1941.

入亚属的种强棘麻蝇明显形成独立分枝(图 3, 图 4), 雄性成虫尾器形态与其他亚属也迥然不同 (Sugiyama *et al.*, 1990), 建议为其建立新亚属。

贝叶斯、最大似然与最大简约法系统发育树均证实粪麻蝇亚属 *Bercaea* Robineau-Desvoidy 与其他亚属亲缘关系较远(其中贝叶斯树分枝的支持值达到 0.98, 图 3)。同时, 该亚属尾器具有以下重要的形态特征, 如雄性成蝇基阳体很短, 几成方形, 仅为阳茎长的 1/7 ~ 1/5; 侧插器有内外两枝; 侧阳体很大而宽, 端部很短, 具细小突起; 膜状突大多为 1 对很长大的前伸出物(范滋德, 1992; 薛万琦和赵建铭, 1996), 这些特征与麻蝇属其他

亚属雄性成蝇尾器的形态差异非常明显, 因此建议恢复该亚属在分类系统中的属级地位。

本研究初步证明线粒体 COI 基因片段(750 bp)用于亚属及属级阶元的分类有效, 但后续研究应增加麻蝇属昆虫的样本数量, 并选取 COI 序列全长或不同片段来进一步验证 COI 序列在麻蝇属昆虫中对亚属级阶元界定的有效性。

致谢: 本研究得到中国科学院动物研究所李星怡博士在数据分析方面的指点, 特此感谢!

参考文献 (References)

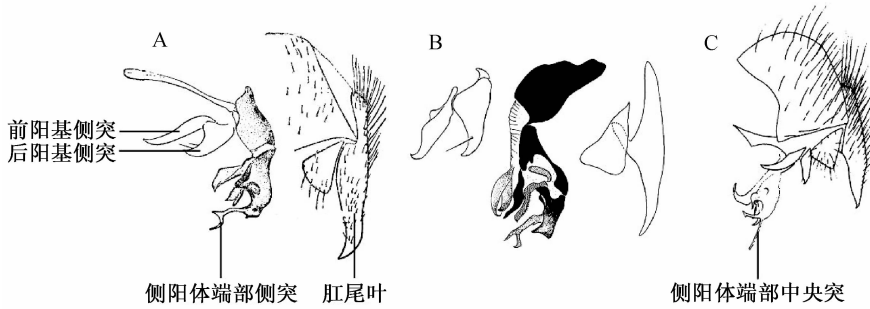


图 8 麻蝇属中 3 种雄性成蝇尾器左侧面观

Fig. 8 Three species of *Sarcophaga* Meigen, male terminalia, left lateral view

A. 叉形蛇麻蝇, 仿范滋德, 1992; B. 奥氏亚麻蝇, 仿 Kurahashi and Leh, 2007; C. 臂麻蝇, 仿 Sugiyama 等, 1990。

A. *Sarcophaga* (*Liosarcophaga*) *scopariiformis*, following Fan, 1992; B. *Sarcophaga* (*Parsarcophaga*) *omari*, following Kurahashi and Leh, 2007; C. *Sarcophaga* *brachiata*, following Sugiyama *et al.*, 1990.

- Fan ZD, Pape T, 1996. Checklist of Sarcophagidae (Diptera) recorded from China. *Stud. Diptero.*, 3:237–258.
- Guindon S, Gascuel O, 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Syst. Biol.*, 52:696–704.
- Guo YD, Cai JF, Chang YF, Li X, Liu QL, Wang XH, Wang X, Zhong M, Wen JF, Wang JF, 2011. Identification of forensically important sarcophagid flies (Diptera:Sarcophagidae) in China, based on COI and 16S rDNA gene sequences. *J. Forensic Sci.*, 56(6):1534–1540.
- Guo YD, Cai JF, Meng FM, Chang YF, Gu Y, Lan LM, Liang L, Wen JF, 2012. Identification of forensically important flesh flies based on a shorter fragment of the cytochrome oxidase subunit I gene in China. *Med. Vet. Entomol.*, 26:307–313.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F, 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 17:754–755.
- Jordaens K, Sonet G, Richet R, Dupont E, Braet Y, Desmyter S, 2012. Identification of forensically important *Sarcophaga* species (Diptera: Sarcophagidae) using the mitochondrial CO I gene. *Int. J. Legal Med.*, doi 10.1007/s00414–012–0767–6.
- Kano R, Lopes HdeS, 1969. Two new species of *Burmanomyia* Fan, 1964 (Diptera:Sarcophagidae). *Pac. Insects*, 11(3/4):521–523.
- Kurahashi H, Leh MU, 2007. The flies from Sarawak, East Malaysia (Diptera:Muscidae, Calliphoridae, Sarcophagidae and Tachinidae). *Med. Entomol. Zool.*, 58(4):261–273.
- Kutty SN, Bernasconi MV, Sifner F, Meier R, 2007. Sensitivity analysis, molecular systematics and natural history evolution of Scathophagidae (Diptera: Cyclorrhapha: Calyptratae). *Cladistics*, 23(1):64–83.
- Kutty SN, Pape T, Wiegmann BM, Meier R, 2010. Molecular phylogeny of the Calyptratae (Diptera: Cyclorrhapha) with an emphasis on the superfamily Oestroidea and the position of Mystacinobiidae and McAlpine's fly. *Syst. Entomol.*, 35(4):614–635.
- Nandi BC, 2002. The fauna of India and the adjacent countries. Diptera: Sarcophagidae, Vol. 10. Kolkata: Zoological Survey of India. 1–608.
- Pape T, 1987. The Sarcophagidae (Diptera) of Fennoscandia and Denmark. *Fauna Entomologica Scandinavica*. Vol. 19. Denmark: Scandinavian Science Press: 1–203.
- Pape T, 1996. Catalogue of the Sarcophagidae of the World (Insecta: Diptera). *Memoirs on Entomology, International* 8. American Entomological Institute. 1–558.
- Pape T, Bänziger H, 2000. Two new species of *Sarcophaga* (Diptera: Sarcophagidae) among pollinators of newly discovered *Sapria ram* (Rafflesiaceae). *Raffles Bull. Zool.*, 48(2):201–208.
- Pape T, Kurahashi H, 2000. A new species of *Sarcophaga* (*Lioproctia*) from Timor, Indonesia (Diptera: Sarcophagidae). *Entomol. Sci.*, 3(3):519–522.
- Posada D, 2008. jModelTest: Phylogenetic model averaging. *Mol. Biol. Evol.*, 25(7):1253–1256.
- Rohdendorf BB, 1937. Fam. Sarcophagidae (part 1), Fauna SSSR, new series, no. 12. Izdatelstvo Akademii Nauk SSSR, Moskva–Leningrad. 1–500.
- Séguy E, 1941. Études sur les mouches parasites. 2. Calliphorides, calliphorines (suite), sarcophagines et rhinophorides de l'Europe occidentale et méridionale.

Encycl. Ent. , (*Ser. A*) , 21 : 1 – 436.

Song ZK, Wang Z, Liang GQ, 2008. Phylogenetic relationships among 15 sarcophagid fly species (Diptera: Sarcophagidae) based on partial sequences of mitochondrial cytochrome b and cytochrome oxidase subunit I genes. *Acta Entomol. Sin.* , 51 (3) : 298 – 306.

Sugiyama E, Shinonaga S, Kano R, 1990. Sarcophagine flies from Malaysia and Singapore with the descriptions of six new species (Diptera: Sarcophagidae). *Med. Entomol. Zool.* , 41 (2) : 81 – 91.

Swofford DL, 2003. PAUP * : Phylogenetic analysis using parsimony, Version 4.0b10a. Sinauer, Sunderland.

Tan SH, Rizman-Idid M, Mohd-Aris E, Kurahashi H, Mohamed Z, 2010. DNA-based characterisation and classification of forensically important flesh flies (Diptera: Sarcophagidae) in Malaysia. *Forensic Sci. Int.* , 199 : 43 – 49.

Wells JD, Pape T, Sperling FAH, 2001. DNA-based identification and molecular systematics of forensically important Sarcophagidae. *J. Forensic Sci.* , 46 : 1098 – 1102.

Xia XH, Lemey P, 2009. Assessing substitution saturation with DAMBE//Philippe L, Marco S, Anne-Mieke V (eds.). *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny* (2nd edition). Cambridge: Cambridge University Press. 615 – 630.

Xia XH, Xie Z, Salemi M, Chen L, Wang Y, 2003. An index of substitution saturation and its application. *Mol. Phylogenet. Evol.* , 26 : 1 – 7.

Zehner R, Amendt J, Schutt S, Sauer J, Krettek R, Povolny D, 2004. Genetic identification of forensically important flesh flies (Diptera: Sarcophagidae). *Int. J. Legal Med.* , 118 (4) : 245 – 247.

Zhang RL, Huang XL, Jiang LY, Lei FM, Qiao GX, 2012. Species differentiation of Chinese *Mollitrichosiphum* (Aphididae: Greenideinae) driven by geographical isolation and host plant acquirement. *Int. J. Mol. Sci.* , 13 (8) : 10441 – 10460.

陈庆, 白洁, 刘力, 林红斌, 唐晖, 赵伟, 周红章, 严江伟, 刘雅诚, 胡松年, 2009. 北京地区 7 种常见嗜尸性蝇类的 COI 基因序列分析及 DNA 条形码的建立. *昆虫学报* , 52 (2) : 202 – 209.

范滋德, 1992. 中国常见蝇类检索表(第二版):麻蝇科. 北京:科学出版社. 580 – 719.

薛万琦, 赵建铭, 1996, 中国蝇类(第二卷):麻蝇科. 沈阳:辽宁科学技术出版社. 1518 – 1660.