

中国甲虫研究七十年*

聂瑞娥** 白 明 杨星科***

(中国科学院动物研究所, 动物进化与系统学院重点实验室, 北京 100101)

摘 要 甲虫是世界昆虫种类最丰富的类群, 具有重要的经济意义和生态意义。在中华人民共和国建国 70 周年之际, 作者查阅大量文献, 结合自己的经历和体会, 对 70 年来 (1950-今) 中国甲虫的研究现状、存在问题进行总结和分析, 并对以后的发展做出展望。根据统计的结果, 结合成果的价值和对学科的贡献, 将建国 70 年后, 中国甲虫的研究分为 3 个不同阶段, 总结了不同阶段甲虫类群、发表的研究论文、发现的新种、涉及的作者人次等情况; 系统归纳了 70 年来中国甲虫研究所取得的成绩及中国甲虫分子生物学的研究现状。

关键词 中国甲虫; 70 年; 研究现状; 问题

Seventy years of Chinese beetle research

NIE Rui-E** BAI Ming YANG Xing-Ke***

(Key Laboratory of Zoological Systematics and Evolution, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

Abstract The Coleoptera are the most diverse of all insect orders and have high economic and ecological significance. On the occasion of the 70th anniversary of the founding of the Peoples Republic of China, this paper has been reviewed the progress, problems and prospects, in Chinese beetle research since 1950 based on a comprehensive literature review and the authors' own experience. Chinese beetle research can be divided into three different stages over the past 70 years. Beetle groups, published papers, new species and related authors are summarized. In addition, the achievements of Chinese beetle researchers and progress in applying molecular biology to research on Chinese beetles are reviewed.

Key words Coleoptera; seventy years; progresses; problems

甲虫是鞘翅目 Coleoptera 的通称, 是世界昆虫种类最丰富的类群, 具有重要的经济意义和生态意义。目前, 已记录 39 余万种。我国甲虫研究起步较晚, 在新中国成立之前, 主要由外国人在研究, 从 20 世纪 30 年代起, 我国才有专家开始进行少数类群的研究。新中国成立以后, 党和国家高度重视基础研究, 积极创建各种研究平台, 不断培养各类科技人才, 促进科技事业的发展。在整个科技事业的发展过程中, 也进一步促进了昆虫分类学这个基础研究中的经典学科的不断发展。在此期间, 甲虫的研究也同样经历了不断发展的过程。在系统查阅动物学记录的基础

上, 作者结合自己的经历和体会, 试图对建国 70 年来 (1950-今) 中国甲虫的研究现状存在问题进行总结和分析。

1 中国甲虫研究 70 年所经历的不同阶段

对于历史的研究总是仁者见仁智者见智。通过对 70 年来所研究的甲虫类群、发表的研究论文、发现的新种、涉及的作者人次等进行了统计, 根据统计的结果, 结合成果的价值和对学科的贡献, 我们认为中国甲虫研究 70 年来经历三个不同发展阶段。

*资助项目 Supported projects: 国家自然科学基金项目 (31772496, 31961143002)

**第一作者 First author, E-mail: niere@ioz.ac.cn

***通讯作者 Corresponding author, E-mail: yangxk@ioz.ac.cn

收稿日期 Received: 2019-08-06; 接受日期 Accepted: 2019-08-10

1.1 初级阶段 (1950-1979)

从 20 世纪 50 年代至 60 年代, 我国甲虫研究力量非常薄弱。从文献记录上看, 新中国成立后我国学者第一篇研究甲虫的论文是 1951 年蒋书楠先生对天牛科的研究。他在这篇文章中, 发表了天牛科 6 个新种, 其中广西 2 种: *Anoplophora alboapicalis* Chiang 和 *Cyriocrates depressinotatus* Chiang; 贵州 4 种: *Cacia (Pericacia) multirustica* Chiang、*Mesosa (M.) bipunctata* Chiang、*Pseudaeolesthes mutabiliaureus* Chiang 和 *Uraecha obliquefasciata* Chiang。1952 年, 北京农业大学黄可训先生对胡经甫先生“中国昆虫名录”金龟科作了补遗。1954 年, 龚韵清、陈世骧二位先生发表了 2 篇中国叶甲科跳甲亚科的 2 属 4 个新种。1955 年, 陈世骧和龚韵清发表了跳甲亚科 1 新种。1956 和 1958 年, 蒲蛰龙先生先后发表了平唇水龟科 16 个新种 (新亚种)。1959 年, 陈世骧和龚韵清发表了叶甲科萤叶甲亚科 3 新种, 谢蕴贞先生发表了拟叩甲科 (Languriidae) 4 新种。这 10 年, 共发表甲虫研究论文 9 篇, 其中叶甲科 4 篇, 平唇水龟科 2 篇, 天牛科、金龟科和拟叩甲科各 1 篇。进入 20 世纪 60 年代, 论文发表主要集中在 1961-1966 年, 先后共有 28 篇论文, 其中叶甲科 11 篇, 金龟科 6 篇, 象甲科 5 篇, 瓢虫科和牙甲科各 2 篇, 天牛科和皮蠹科各 1 篇。从 1967 到 1972 年 6 年间, 因为文化大革命的原因, 没有发表论文。

1973 年, 陈世骧和谭娟杰先生发表了关于化石甲虫的一篇论文, 这是文化大革命开始后第一篇甲虫研究论文。从 1974 年开始, 甲虫研究论文在逐渐增加。1974 年发表论文 4 篇, 叶甲科 2 篇, 象甲科和金龟科各 1 篇; 1976 年发表论文 3 篇, 叶甲科、长角象科 (Anthribidae) 各 1 篇, 化石甲虫 1 篇; 1977-1978 年各 1 篇, 分别是叶甲科和象甲科; 1979 年发表了 5 篇论文, 其中金龟科 3 篇, 瓢虫科 2 篇。

这是新中国成立以来, 中国甲虫研究的第一阶段。它的特点是从事研究的人少, 涉及的类群少, 发表的文章少。这 30 年间共发表论文 49 篇,

包括在叶甲科 (18 篇)、金龟科 (10 篇)、象甲科 (7 篇)、瓢虫科 (4 篇)、天牛科 (2 篇)、平唇水龟科 (2 篇)、长角象科 (2 篇)、牙甲科 (2 篇)、拟叩甲科 (1 篇) 和皮蠹科 (1 篇) 10 个科中。共发现新种 331 个, 作者 67 人次。

1.2 发展过渡阶段 (1980-1990)

文革结束以后, 经过几年的整顿和建设, 一切恢复正常, 专业人员全部到位工作。高考恢复后第一、二批大学毕业生在 1982 年毕业后参加到研究队伍中, 为分类学队伍注入了新鲜血液。同时, 文革后毕业的研究生逐渐增多, 很快成为主要的研究骨干。所以, 这个阶段的特点是研究队伍在不断壮大、研究类群在逐渐增多、研究成果在不断加大。1980-1990 年, 研究所涉及的类群有 36 个科, 发表论文 137 篇, 发现新种 657 个, 作者 125 人次。各项指标都比过去 30 年增长了 2 倍多。

1.3 快速发展阶段 (1991-今)

恢复高考后, 20 世纪五六十年代的毕业生, 多数进一步获得硕士、博士学位, 不少人还具有国外进修和留学经历, 他们奠定了扎实的基础, 积累了丰富的经验, 成为分类学的中坚力量。他们已培养了一定数量的研究生, 成为分类学的新生力量。这个时期的特点为模式标本核对率高、定名标本检视率高、研究论文质量高。他们培养的研究生多在 21 世纪初投身工作, 这批有生力量基本上都是 60 年代末、70 年代初的人, 他们普遍知识结构和知识体系比较合理和完善, 有较长时间的国外学习、工作的经历, 视野宽, 外语好, 对自己研究的类群不仅仅局限在中国境内, 而是更大地域甚至更广范围。他们与国外同行交流、合作频繁, 文献掌握更加全面, 模式借阅、研究更加深入, 修订工作成绩显著, 研究手段不断创新, 分子系统学研究进展迅速, 系统分类学的能力和水平不断提升, 在国际上的影响力和话语权不断加强。

在这 20 年左右的发展时期, 这两代人的工作, 表现出两个有明显特点的不同阶段。

1991-2004 年前后,以五六十年代这批研究人员为主,他们把传统分类工作不断完善,努力实现资料的完整、鉴别特征的研究与筛选、文献记录种类的标本获得与研究、新种的发现与描述;2003-2005 年,新生代逐渐成为研究骨干,他们注重模式标本的检视,存疑种的研究,隐存种的甄别,重要类群的修订、系统发育关系的探讨,分子系统学的应用,研究方法的创新。从 1991 年至今 28 年间,共发表论文 1 072 篇,发现新种 2 815 个,作者 1 623 人次,研究类群 72 个科。这个时期的两个阶段正好各为 14 年,第一阶段发表论文 404 篇,发现新种 1 012 个,作者 475 人次;第二阶段发表论文 668 篇,发现新种 1 803 个,作者 1 148 人次。这个时期,由于改革开放政策的影响,国际合作研究呈现显著特点,一是一些学者走出去,到国外重要机构、大博物馆进行短期访问,检视模式标本,研究文献有记载、但在国内看不到的标本。二是组织国际上著名专家到中国进行专项野外考察,就某一类群或某一地区的昆虫进行系统研究,如中国科学院沈阳生态研究所姬兰柱研究员与奥地利维也纳自然历史博物馆水生甲虫专家合作(1993-2001),对中国水生甲虫进行专门研究。先后发现 200 多个新种、中国新记录科和大量的中国新记录种,出版“中国水生甲虫”(Water beetles of China)三卷,该研究大大促进了我国水生甲虫的研究。三是派青年学者到国外进修、合作研究,有计划地派博士研究生到国外接受联合培养,既提高了我国的甲虫分类水平,又培养了高质量的人才。这个时期,我国甲虫研究可谓是跨越式发展。

2 中国甲虫研究 70 年所取得的成绩

我国甲虫研究 70 年来,虽然经历了各种曲折和不同的发展阶段,但是在大家的不懈努力下,还是取得了引人注目的成绩。

2.1 甲虫种类大幅增长

1937 年,胡经甫先生在“中国昆虫名录”(Catalogus insectorum sinensium)中记录了鞘翅目 75 科 6 164 种,这是有史以来对中国鞘翅目

昆虫第一次系统总结(Wu, 1937)。2000 年,华立中先生出版了“中国昆虫名单”(List of Chinese insects),收集整理了截至 1990 年底的中国昆虫种类,共记录了鞘翅目 149 科 3 632 属 21 332 种,与胡经甫先生 1937 年记录种类相比,增加了 74 科 15 168 种,期间相隔了 53 年。需要注意的是,华立中先生记录的科级单元目前多数变为亚科、族级单元,与现在的分类系统大不相同。我们统计了 2018 年底之前的中国甲虫相关数据(表 1),结果表明:世界 4 亚目 29 820 属 186 科 390 173 种,我国鞘翅目昆虫已记录 139 科 4 666 属 35 153 种。我国记录的甲虫种类是世界已知种的 9%。

各亚目、各科之间类群大小不同,发展也不平衡。根据统计,我国已记录的甲虫种类所属各科所占比重结果如图 1 所示。目前,我国叶甲总科(Chrysomeloidea)已记录 7 771 种,占鞘翅目中国已知种的 22.1%,占多食亚目已知种的 25%;隐翅虫总科(Staphylinoidea)已知 7 093 种,占鞘翅目中国已知种的 20.2%,占多食亚目已知种的 23%;象甲总科(Curculionoidea)已知 3 291 种,分别占中国已知种的 9.4%,占多食亚目 11%;叩甲总科(Elateroidea)已知 3 155 种,占中国已知种的 9%,占多食亚目 10%。其他类群所占比重不超过 10%或更低。

2.2 模式标本检视率不断提升

模式标本的检视和研究,是分类研究成果质量的根本保证。由于新中国成立之前,我国甲虫分类工作基本上都是外国人在研究,相关模式标本和大量定名标本保存在国外。新中国成立后,由于国家百废待兴,经费紧张,很难做到去国外检视模式标本,分类论文的质量一度受到国际质疑,研究生的学位论文中出现大量来自于文献记录种类,几乎没有模式标本的检视和多数定名标本的研究,事实上主要是对文献的整理,这些确实是影响到我国分类学的质量和水平。进入 21 世纪,随着我国国力不断增强,由国家经费资助,通过进修、合作研究、联合培养研究生、专程赴国外研究模式标本等途径,我国学者研究的各个类群,都非常关注模式标本的检视和研究。中国

表 1 鞘翅目类群基本数据的统计
Table 1 The basic data statistics on Coleoptera groups

科名 Family	世界已知属种 Valid genus of the world		中国已知属种 Valid genus of China	
	属 Genus	种 Species	属 Genus	种 Species
Archostemata	14	43	3	7
Myxophaga	12	109	3	10
Adephaga	1 769	45 893	362	3 727
Polyphaga	28 025	344 128	4 298	31 409
Scirtoidea	57	1 030	11	43
Hydrophiloidea	552	7 712	107	538
Staphylinoidea	3 937	62 220	640	7 093
Scarabaeoidea	2 631	33 509	307	2 939
Dascilloidea	25	180	7	37
Buprestoidea	470	14 700	104	1 314
Byrrhoidea	358	4 176	64	363
Elateroidea	1 110	24 603	317	3 155
Derodontoidea	8	126	4	12
Bostrichoidea	370	4 047	36	220
Lymexyloidea	10	70	6	11
Cleroidea	473	10 238	108	438
Cucujoidea	1 595	21 562	283	1 519
Tenebrionoidea	3 400	34 719	467	2 665
Chrysomeloidea10	7 431	63 383	1 068	7 771
Curculionoidea	5 598	61 853	769	3 291
合计 Total	29 820	390 173	4 666	35 153

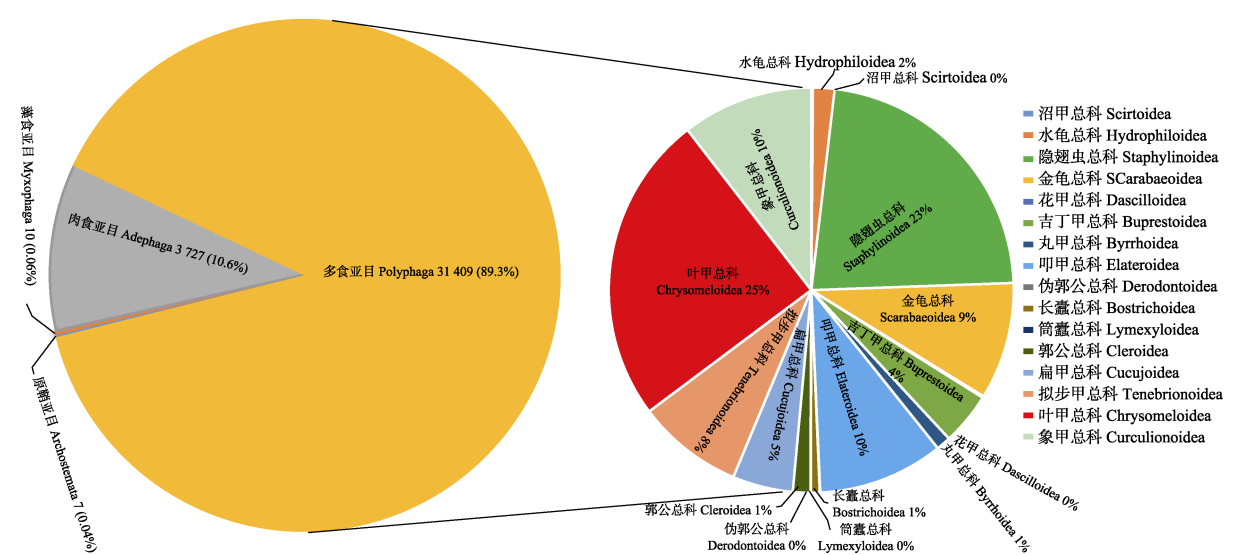


图 1 中国甲虫亚目和总科统计图
Fig. 1 The statistics of the suborder and super-family of Chinese beetles

科学院动物研究所鞘翅目形态与进化研究组从 2001 年起, 共培养从事甲虫分类研究生 25 名, 其中博士生 21 名, 19 人在学期间, 均有一年到国外专门从事模式标本和在国内看不到的定名标本的研究。他们的学位论文中模式标本检视率超过了 70%, 定名标本检视率超过了 85%。国内甲虫学者近十多年发表的学术论文, 模式标本检视率也大幅度提升, 研究生学位论文模式标本和定名标本的检视率也在不断提升, 但是发展很不平衡, 大部分还需要进一步加强。

2.3 修订工作影响力加大

我国分类学起步晚, 专业人员偏少, 中国相关类群分类水平偏低, 空白类群较多, 所以, 很长时间以来, 我们的工作基本上是处于 α 分类水平。随着改革开放, 我们与国际的合作日趋加强, 从标本、文献到研究水平确实在快速提升。中国学者也越来越多的有机会到国外进行合作研究或检视模式, 使一些基础较好的研究类群基本完成了分类学的任务, 使修订工作成为可能。近十年的研究成果表明, 在已发表的论文中, 有 20% 多的是系统修订工作。这些工作不断得到国际同行的关注和认可, 具体表现在这些成果不断被引用和评价。修订工作影响加大的直接结果是, 国外同行主动要求与我国学者合作的案例越来越多, 我国学者由过去只研究中国种类到研究中国及周边甚至世界的种类, 中国学者的国际地位和影响力也随之不断提升。

2.4 甲虫分类人才茁壮成长

从新中国成立以来, 我国先后有 26 家单位为甲虫研究培养了硕士 295 人, 博士 106 人。文革前, 研究生培养制度不完善, 体系不健全, 研究生导师少, 所以, 研究生也很少。目前已知最早培养的从事甲虫研究的研究生是广东昆虫所林平先生(从事丽金龟分类研究)(导师: 蒲蛰龙院士)、中国科学院动物研究所黄复生先生(从事小蠹虫分类研究)(导师: 蔡邦华院士)、章有为先生(从事金龟、葬甲分类研究)(导师: 陈世骧院士)。1977 年恢复高考后, 研究生培养也

逐渐走向正规, 1981 年第一批研究生毕业。从培养甲虫研究的研究生情况来看, 1981-1990 年, 培养 17 名, 此阶段只有 3 名博士, 他们是曾红(中山大学, 导师: 蒲蛰龙)、任顺祥、虞国跃(华南农业大学, 导师: 庞雄飞); 1991-2000 年, 培养了 22 名研究生, 其中博士 10 名; 2001-2010 年, 培养研究生 147 名, 博士 34 名; 2011-今, 培养研究生 195 名, 博士 59 名。

在 26 个培养单位的研究生分布中(图 2), 可以看到, 以中国科学院动物研究所、河北大学、上海师范大学为最多, 均超过了 60 名, 达到或超过 30 名的有 4 家单位: 西南大学、华南农业大学、中山大学和西华师范大学。而博士生培养以中国科学院动物研究所最多, 超过了 50 名, 其次是中山大学、华南农业大学、西南大学和河北大学。

这些硕士、博士研究生大部分在毕业后从事甲虫研究, 做到了学以致用。他们中绝大多数都有国外留学或访问、合作研究的经历, 具有较好的国际视野和专业水平, 取得了令人瞩目的研究成果; 有的已经成为领域内重要骨干力量, 在学科发展方向上起着引领作用; 有的在学科建设和不断创新方面, 做出了重要贡献。

2.5 学科基础更加扎实

70 年来, 为了更全面地了解和掌握我国不同地域甲虫的分布格局及物种多样性的特点, 中国科学院动物研究所及国内各高校及科研单位都在创造条件, 有计划地坚持野外考察工作, 70 年新增甲虫标本接近百万号。新种和新记录种不断被发现, 中国甲虫种类增速不断加快, 各省区甲虫区系研究不断深入, 中国甲虫研究成果为世界甲虫研究做出了重要贡献。增长最快的是隐翅虫科, 光新种就增加了 2 933 种; 其次是步甲科, 增加新种 2 902 种, 叶甲科增加了 1 256 种。我们对中国大陆、中国台湾和中国香港的甲虫研究结果进行了统计与比较(表 2), 中国台湾甲虫种类记录 7 448 种, 占我国已知种的 21.2%, 中国香港地区虽小, 但已知甲虫 2 169 种, 占我国已知种 6.1%。

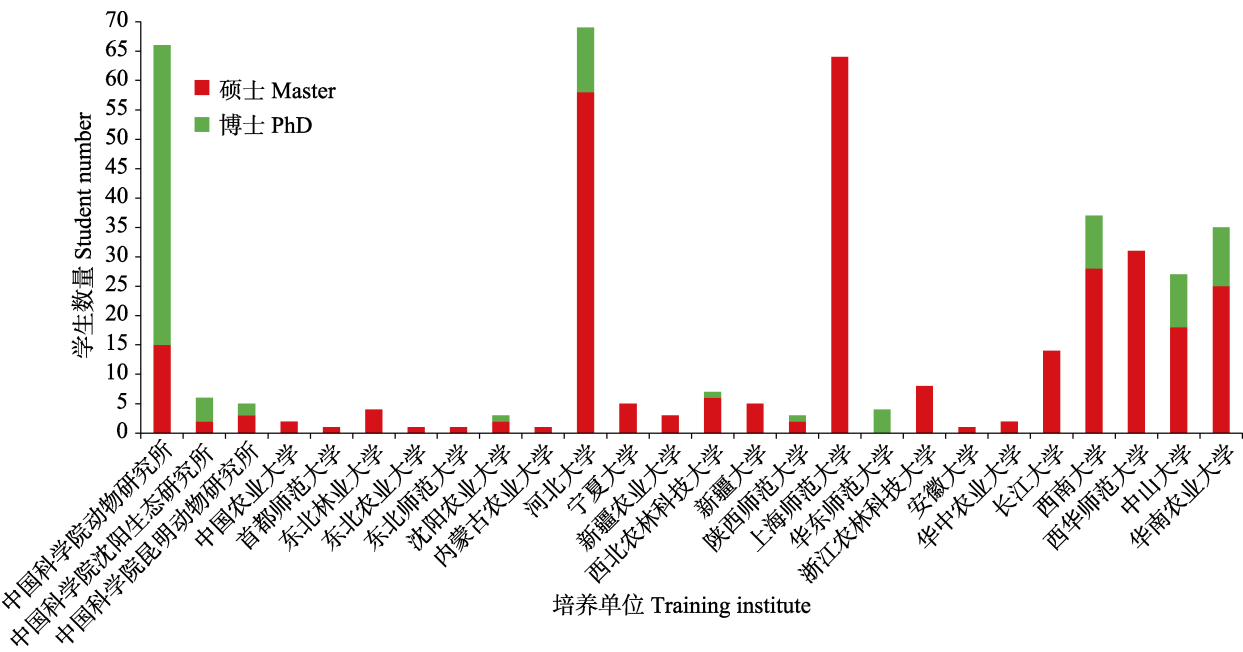


图 2 涉及中国甲虫研究的培养单位及研究生培养统计图

Fig. 2 The statistics number of the master and doctor students trained from different institutes

表 2 中国大陆、台湾地区、香港鞘翅目科内种数的比较

Table 2 The species comparison of Coleoptera from the mainland, Taiwan and Hongkang of China

科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China	科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China
Acanthocnemidae	1	0	0	Curculionidae	2 243	432	82
Aderidae	14	5	0	Cybocephalidae	24	0	0
Agrytidae	15	0	0	Dascillidae	31	6	0
Amphizoidae	2	0	0	Dermestidae	129	29	18
Anthicidae	129	34	4	Derodontidae	8	2	0
Anthribidae	200	114	10	Discolomatidae	16	6	1
Apionidae	0	10	0	Disteniidae	31	0	1
Archeocrypticidae	2	0	0	Dryophthoridae	43	24	17
Artematopodidae	0	1	0	Dryopidae	20	6	2
Aspidytidae	1	0	0	Dytiscidae	333	62	39
Attelabidae	634	35	9	Elateridae	1 434	344	37
Biphyllidae	5	6	0	Elmidae	99	11	4
Bolboceratidae	0	7	0	Endomychidae	104	46	7
Boridae	1	0	0	Eirrhinidae	0	2	0
Bostrichidae	24	35	21	Erotylidae	206	86	6
Bothrideridae	8	8	2	Eucinetidae	3	1	0
Brachyceridae	0	1	3	Eucnemidae	22	20	1
Brachypteridae	3	0	0	Eulichadidae	8	0	3
Brentidae	171	49	8	Geotrupidae	114	4	3
Bruchidae	0	12	0	Glaphyridae	30	0	0
Buprestidae	657	185	29	Gyrinidae	47	5	8
Byrrhidae	113	12	0	Haliplidae	29	4	4
Byturidae	6	3	0	Helotidae	25	10	0

续表 2 (Table 2 continued)

科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China	科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China
Callirhipidae	11	4	2	Heteroceridae	16	4	5
Cantharidae	659	180	5	Histeridae	279	104	16
Carabidae	3 294	502	230	Hybosoridae	17	2	0
Cerambycidae	3 637	795	264	Hydraenidae	99	21	0
Ceratocanthidae	0	2	0	Hydrophylidae	252	70	70
Cerylonidae	9	2	1	Hydroscaphidae	3	0	0
Chelonariidae	3	1	0	Hygrobiidae	1	0	0
Chrysomelidae	4 034	721	248	Ischaliidae	0	3	0
Ciidae	22	7	1	Jacobsoniidae	1	0	0
Clambidae	0	5	0	Kateretidae	0	4	0
Cleridae	179	65	29	Lampyridae	120	56	25
Coccinellidae	720	243	99	Lathridiidae	33	8	7
Corylophidae	1	4	2	Laemophloeidae	14	8	0
Colydiidae	0	12	0	Leiodidae	410	101	5
Cryptophagidae	57	8	1	Limnichidae	19	7	2
Cucujidae	8	7	5	Lucanidae	266	60	22
Cupedidae	6	2	1	Lycidae	223	91	6
Lymexylidae	11	6	1	Rhynchitidae	0	29	3
Malachiidae	181	46	0	Rhysodidae	5	4	0
Megalopodidae	59	0	0	Ripiphoridae	18	10	1
Melandryidae	27	8	0	Salpingidae	8	8	2
Meloidae	160	14	13	Scarabaeidae	2 452	532	182
Monommatidae	0	1	0	Scirtidae	35	14	3
Melyridae	33	0	3	Scraptiidae	20	3	0
Micromaltidae	0	0	1	Scydmaenidae	0	41	0
Micropelidae	3	0	0	Silphidae	73	11	4
Monommidae	2	0	0	Silvanidae	30	31	9
Monotomidae	7	5	1	Spercheidae	1	0	0
Mordellidae	154	96	10	Sphaeritidae	4	0	0
Mycetophagidae	12	3	4	Sphaeriusidae	1	0	0
Mycteridae	1	2	0	Sphindidae	1	0	0
Nanophyidae	0	6	2	Staphylinidae	6 486	1 136	423
Nitidulidae	244	98	17	Stenotrachelidae	3	0	0
Nosodendridae	3	1	0	Synchroidae	4	1	0
Noteridae	14	2	8	Synteliidae	3	0	0
Ochodaeidae	9	6	0	Tenebrionidae	1 885	473	60
Oedemeridae	115	26	4	Tetatomidae	19	6	0
Omethidae	2	0	0	Thanerocleridae	5	3	0
Orsodacnidae	1	0	0	Throscidae	2	0	0
Passalidae	18	6	1	Torridincolidae	6	0	0
Passandridae	6	6	0	Trachypachidae	1	0	0
Phalacridae	14	12	5	Trictenotomidae	6	1	1
Phengodidae	16	0	0	Trogidae	29	9	5

续表 2 (Table 2 continued)

科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China	科 Family	中国大陆 Mainland of China	中国台湾 Taiwan of China	中国香港 Honkang of China
Platypodidae	0	0	2	Trogossitidae	17	4	2
Prionoceridae	22	5	4	Vesperidae	13	0	2
Propalticidae	0	0	1	Zopheridae	31	2	2
Prostomidae	3	1	0				
Pselaphidae	14	0	0				
Psephenidae	56	15	6				
Pterogeniidae	1	0	0				
Ptiliidae	10	2	0				
Ptilodactylidae	18	6	0				
Ptinidae	69	21	10				
Pyrochroidae	30	11	0				
Rhagophthalmidae	17	5	3				
Rhipiceridae	6	4	0				

在方法创新方面,首先是野外考察的工具在不断创新,有的甚至已申请专利,使野外标本收集无论在数量、还是质量方面都有了明显提高;其次,在研究手段方面,移植成像方法到鞘翅目形态学上,在此基础上自主研制出内部三维成像设备,推动内部形态与解剖的发展与应用;自主研制出表面三维成像设备,表面三维成像技术在甲虫形态学研究上也得到了有效应用,促进形态、形状数字化发展,为高通量获取形态数据成为可能,为形态数据挖掘提供了保证。同时,它为推动几何形态学发展奠定了良好的基础,为分类阶元形态指标的筛选与性状的演化研究提供了有效手段。

2014 年,在大家的倡导下,在河北大学任国栋教授积极推动下,成立了中国昆虫学会甲虫专业委员会,为甲虫研究提供了理想的交流平台。甲虫专业委员会自成立以来,两年召开一次全国学术研讨会,交流最新动态和最新研究进展,同时,为青年学者和研究生的交流与锻炼提供了更多的机会,为他们的成长和发展起到了促进作用。在杨星科研究员的主持和策划下,全国各甲虫研究单位的同仁积极参与编写“中国甲虫名录”,名录共 11 卷,目前已经出版 2 卷,它是我国学者对中国甲虫的一次系统的修订与总结。

名录的出版,为我国甲虫研究奠定了扎实的基础,为世界甲虫的研究提供了重要数据和丰富资料,势必会推动我国甲虫研究的发展。

3 建国后中国甲虫分子生物学研究进展

20 世纪 80 年代末,随着分子生物学技术的发展,分子生物学逐渐应用到鞘翅目昆虫研究的各个领域。陈乃中等(1997)以花斑皮蠹 *Trogoderma variabile* Ballion、谷斑皮蠹 *Trogoderma granarium* Everts、黑毛皮蠹 *Attagenus unicolor japonicas* (Brahm) 和印度谷螟 *Plodia interpunctella* (Hibner)4 种仓储害虫的幼虫为材料,利用 RAPD-PCR 技术对 4 种幼虫进行快速鉴定,该论文开创了我国鞘翅目分子生物学的先河。之后,随着测序技术的发展,我国鞘翅目分子生物学的研究也逐步得到发展。截至 2019 年 6 月份,我国学者在国内外期刊上共发表论文 130 篇(中文期刊检索词:分子和鞘翅目,英文期刊检索词:molecular 和 Coleoptera,地址:China),其中国内期刊上共发表鞘翅目分子生物学方面的论文 33 篇,国外期刊发表论文 97 篇。总体而言,国内期刊发表论文数相对较少,也比较平稳;国外期刊发表论文自 2016 年之后发表论文数量增加

明显,是前几年的 5 倍左右,主要原因是二代测序技术的发展,发表了大量的线粒体基因组的文章。研究领域包括分子分类学、分子系统学、种群遗传学及基因进化等领域。鞘翅目分子系统学初期研究的分子标记主要应用随机扩增多态性

DNA (RAPD)、简单重复序列 (SSR)、基因或线粒体基因的小片段基因,2012 年之后随着二代测序技术的广泛应用,分子标记扩展为线粒体基因组、转录组水平和基因组(表 3,表 4)。研究类群方面,3 篇鞘翅目高级阶元的系统学研究:

表 3 中国学者在中国期刊上发表的鞘翅目分子生物学方面的论文
Table 3 The molecular papers published by Chinese authors in Chinese journals

研究类群 Researched Groups	阶元级别 Taxa ranks	分子标记 Molecular markers	研究主题 Research subjects	参考文献 References
皮蠹科 Dermestidae	种	RAPSD-PCR	分子方法	Chen <i>et al.</i> , 1997
天牛科 Cerambycidae	种	RAPD	分子分类	An <i>et al.</i> , 1998
瓢虫科 Coccinelloidea	种	RAPD	分子方法	张迎春和郑哲民,1999
长蠹科 Bostrichidae	种	ND4	分子系统关系	黄永成等, 2001
长蠹科 Bostrichidae	种	ND4	分子分类	李伟丰等, 2001
瓢虫科 Coccinelloidea	种	16S rDNA	分子方法	庞虹, 2001
拟步甲科 Tenebrionidae	族	16S rDNA	分子系统关系	Liu and Ren, 2004
瓢虫科 Coccinelloidea	亚科	CO	分子系统关系	Fu and Zhang, 2006
叶甲科 Chrysomelidae	属	CO	分子系统关系	Zheng <i>et al.</i> , 2007
叶甲科 Chrysomelidae	种	CO, CO, tRNA_Leu	甲虫与寄主关系	Zhai <i>et al.</i> , 2007
金龟科 Scarabaeidae	种	RAPD	遗传多样性	Zhang <i>et al.</i> , 2008
象甲科 Curculionidae	种	CYTB, CO	种群遗传多样性	Gu <i>et al.</i> , 2009
叩甲科 Elateridea	亚科	28S rRNA	分子系统关系	Jiang <i>et al.</i> , 2009
长小蠹科 Platypodidae	属	CO	分子系统关系	Wang <i>et al.</i> , 2010
叶甲科 Chrysomelidae	属	CYTB, 12S rRNA	分子系统关系	Wu and Li, 2010
叶甲科 Chrysomelidae	种	RAPD	遗传多样性	Han <i>et al.</i> , 2011
叶甲科 Chrysomelidae	种	CO	分子系统关系	Liang <i>et al.</i> , 2011
象甲科 Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2012
金龟科 Scarabaeidae	属	16S rRNA, ND1	分子系统关系	Guo <i>et al.</i> , 2012
步甲科 Carabidae	种	CO	谱系地理	Yin, 2013
天牛科 Cerambycidae	亚科	18S rRNA, 28S rRNA,	分子系统关系	Wei <i>et al.</i> , 2014
象甲科 Curculionidae	种	SSR	遗传多样性	Liu <i>et al.</i> , 2016
拟步甲科 Tenebrionidae	种	Transcriptome	转录组	Tusong <i>et al.</i> , 2016
象甲科 Curculionidae	种	DNA barcode_CO	分子分类	An <i>et al.</i> , 2016
叶甲科 Chrysomelidae	种	CO	种群遗传	Zhang <i>et al.</i> , 2017b
叶甲科 Chrysomelidae	种	Transcriptome	分子系统关系	Zheng <i>et al.</i> , 2018
叩甲科 Elateridea	亚科	28S rRNA	分子系统关系	Meng <i>et al.</i> , 2018
瓢虫科 Coccinelloidea	种	12S, 16S, 28S rRNA	分子系统关系	Huang <i>et al.</i> , 2019
鞘翅目 Coleoptera	目	核苷酸/RFLP/RAPD	综述	Chen <i>et al.</i> , 2008
水生肉食亚目 Hydradephaga	目	18S rRNA, 28S rRNA, mitochondrial genes	综述	Xi and Wang <i>et al.</i> , 2010
鞘翅目 Coleoptera	目	CO	综述	Zhang <i>et al.</i> , 2011
鞘翅目 Coleoptera	目	Molecular	综述	聂瑞娥和杨星科, 2013
鞘翅目 Coleoptera	目	Mitochondrial genome	综述	聂瑞娥和杨星科, 2014

表 4 中国学者在国外期刊上发表的鞘翅目分子生物学方面论文
Table 4 The molecular papers published by Chinese authors in abroad journals

研究类群	阶元级别	分子标记	研究主题	参考文献
Researched groups	Taxa ranks	Molecular markers	Research subjects	References
Bothrideridae	种群	CO	地理种群	Zhang <i>et al.</i> , 2017e
Carabidae	种	ND5 and 28S rDNA	分子分类	Kim <i>et al.</i> , 2000
Carabidae	族	ND5	系统学	Su <i>et al.</i> , 2003
Carabidae	族	ND5	系统学	Su <i>et al.</i> , 2004
Carabidae	种	ND5	系统学	Su <i>et al.</i> , 2005
Carabidae	种	CO , 28S rRNA	分子分类	Zhang and Sota, 2007
Carabidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Liu <i>et al.</i> , 2018a
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2018c
Cerambycidae:	族	CO , 12S rRNA, 16S rRNA	系统学	Feng <i>et al.</i> , 2010
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Guo <i>et al.</i> , 2017
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wang and Tang, 2017
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Yang <i>et al.</i> , 2017
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Yao <i>et al.</i> , 2017
Chrysomelidae	种	Transcriptome	基因功能预测	Zhang <i>et al.</i> , 2017c
Chrysomelidae	种	<i>Wolbachia</i> , COI , MLST	基因进化	Ali <i>et al.</i> , 2018a
Chrysomelidae	亚科	Mitochondrial genome, 18S, 28S	分子系统学	Nie <i>et al.</i> , 2018
Chrysomelidae	亚科	Mitochondrial genome	分子系统学	Song <i>et al.</i> , 2018b
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	系统学	Wang and Tang, 2018
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2018a
Coccinellidae	科	Nuclear protain coding genes	分子系统学	Che <i>et al.</i> , 2017
Cucujiformia	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2016d
Lampyridae	亚科	16S rRNA	系统学	Li <i>et al.</i> , 2006
Lampyridae	种	Genome	基因组	Liu <i>et al.</i> , 2017a
Lucanidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组/系统学	Lin <i>et al.</i> , 2017
Lucanidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Jing <i>et al.</i> , 2018
Prionoceridae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wu <i>et al.</i> , 2019
Scarabaeidae	种	Mitochondrial genome	分子系统学	Song and Zhang, 2018
Scarabaeidae	种	Transcriptome	转录组	Yi <i>et al.</i> , 2018
Bothrideridae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2015
Brentidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Yang and Li, 2019
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Liu <i>et al.</i> , 2017b
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2016c
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Song <i>et al.</i> , 2017
Cerambycidae	种	Transcriptome	嗅觉基因功能	Wang <i>et al.</i> , 2017a
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Liu <i>et al.</i> , 2018b
Cerambycidae	种	Transcriptome	转录组	Yang <i>et al.</i> , 2018a
Cerambycidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wang <i>et al.</i> , 2019b
Cerambycinae	种	Mitochondrial genome	系统学	Wang <i>et al.</i> , 2016
Chrysomelidae	亚科	18S rRNA, 28S rRNA, 16S rRNA, CO	进化	Ge <i>et al.</i> , 2011
Chrysomelidae	族\属	18S rRNA, 28S rRNA, 16S rRNA, CO	系统学	Ge <i>et al.</i> , 2012
Chrysomelidae	种	CO , CO and ITS2	分子分类	Nie <i>et al.</i> , 2012
Chrysomelidae	种群	AFLP	地理种群遗传多样性	Ma <i>et al.</i> , 2013

续表 4 (Table 4 continued)

研究类群 Researched groups	阶元级别 Taxa ranks	分子标记 Molecular markers	研究主题 Research subjects	参考文献 References
Chrysomelidae	种群	Microsatellite loci	地理种群遗传多样性	Zhang <i>et al.</i> , 2013
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2016b
Chrysomelidae	种	Transcriptome	基因进化	Zhang <i>et al.</i> , 2016a
Chrysomelidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhou <i>et al.</i> , 2016
Chrysomelidae	种	Transcriptome	转录组	Bin <i>et al.</i> , 2017
Chrysomelidae	种	Transcriptome	基因功能预测	Shi <i>et al.</i> , 2017
Chrysomelidae	种	<i>Wolbachia</i> , CO	地理种群	Ali <i>et al.</i> , 2018b
Coccinellidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Niu <i>et al.</i> , 2016
Coccinellidae	亚科	CO	分子分类	Wang <i>et al.</i> , 2019a
Coccinellidae	种	12S rRNA, 16S rRNA	系统学	Yao <i>et al.</i> , 2011
Coleoptera	亚目	mitochondrial genome	分子系统学	Yuan <i>et al.</i> , 2016
Coleoptera	亚目	Nuclear protein coding genes	分子系统学	Zhang <i>et al.</i> , 2018c
Curculionidae	种	CO	分子分类	Cognato and Sun, 2007
Curculionidae	种	CO	地理种群	Zhang <i>et al.</i> , 2007
Curculionidae	种	Genome	基因组	Richards <i>et al.</i> , 2008
Curculionidae	种	CO	分子分类	Chang <i>et al.</i> , 2014
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Chen <i>et al.</i> , 2016
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组/系统学	Fei <i>et al.</i> , 2017
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Tang <i>et al.</i> , 2017
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2017a
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2017d
Curculionidae		CO and EF1-alpha	遗传多样性	Zhang <i>et al.</i> , 2018b
Curculionidae	种	Transcriptome	转录组	Tang <i>et al.</i> , 2019
Curculionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2019
Dermestidae	种	CO	分子分类	Zheng <i>et al.</i> , 2016
Dytiscoidea	科级	CO, CYTB, 12S, 16S, 18S, ARK, CAD, ENO, WGL	分子系统学	Toussaint <i>et al.</i> , 2016
Dytiscoidea		Transcriptomes	分子系统学	Vasilikopoulos <i>et al.</i> , 2019
Hydrophilidae	种	CO, ITS2	分子分类	Liu <i>et al.</i> , 2008
Laemophloeidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2016a
Laemophloeidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Sun <i>et al.</i> , 2016
Laemophloeidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Sun <i>et al.</i> , 2016
Lampyridae	种	Transcriptome	转录组	Wang <i>et al.</i> , 2017b
Lucanidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wu <i>et al.</i> , 2016
Lucanidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Chen <i>et al.</i> , 2018
Lycidae	种	rrnL, tRNA-Leu, ND1	分子分类	Li <i>et al.</i> , 2015a
Lycidae	种	CO, CO	分子分类	Li <i>et al.</i> , 2015b
Lycidae	种	rrnL, cox1 and nad5	分子系统学	Li <i>et al.</i> , 2017
Meloidae	亚目	Mitochondrial genome	线粒体基因组/系统学	Du <i>et al.</i> , 2016
Meloidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Du <i>et al.</i> , 2017
Meloidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wu <i>et al.</i> , 2018a
Meloidae	种	Draft genome	基因组	Wu <i>et al.</i> , 2018b
Nitidulidae	种	Genome	基因组	Evans <i>et al.</i> , 2018

续表 4 (Table 4 continued)

研究类群	阶元级别	分子标记	研究主题	参考文献
Researched groups	Taxa ranks	Molecular markers	Research subjects	References
Rhagophthalmidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Li <i>et al.</i> , 2007
Scarabaeidae	属级	16S, 28S, COI	分子系统学	Liu <i>et al.</i> , 2015
Scarabaeidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Yang <i>et al.</i> , 2018b
Scarabaeidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Yang <i>et al.</i> , 2019
Silphidae	种	CO	地理系统进化 (种的扩散)	Ikeda <i>et al.</i> , 2009
Staphylinida	亚科	CO , wingless and 28S rDNA	分子系统学	Zhang and Zhou, 2013
Tenebrionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Ou <i>et al.</i> , 2016
Tenebrionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Wang <i>et al.</i> , 2016
Tenebrionidae	亚目	Mitochondrial genome	线粒体基因组/系统学	Zhang <i>et al.</i> , 2016b
Tenebrionidae	种	Mitochondrial genome	比较线粒体基因组	Zhang <i>et al.</i> , 2016c
Tenebrionidae	种	CO	分子分类	Lu <i>et al.</i> , 2018
Tenebrionidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Song <i>et al.</i> , 2018a
Vesperidae	种	Mitochondrial genome	线粒体基因组	Nie <i>et al.</i> , 2017

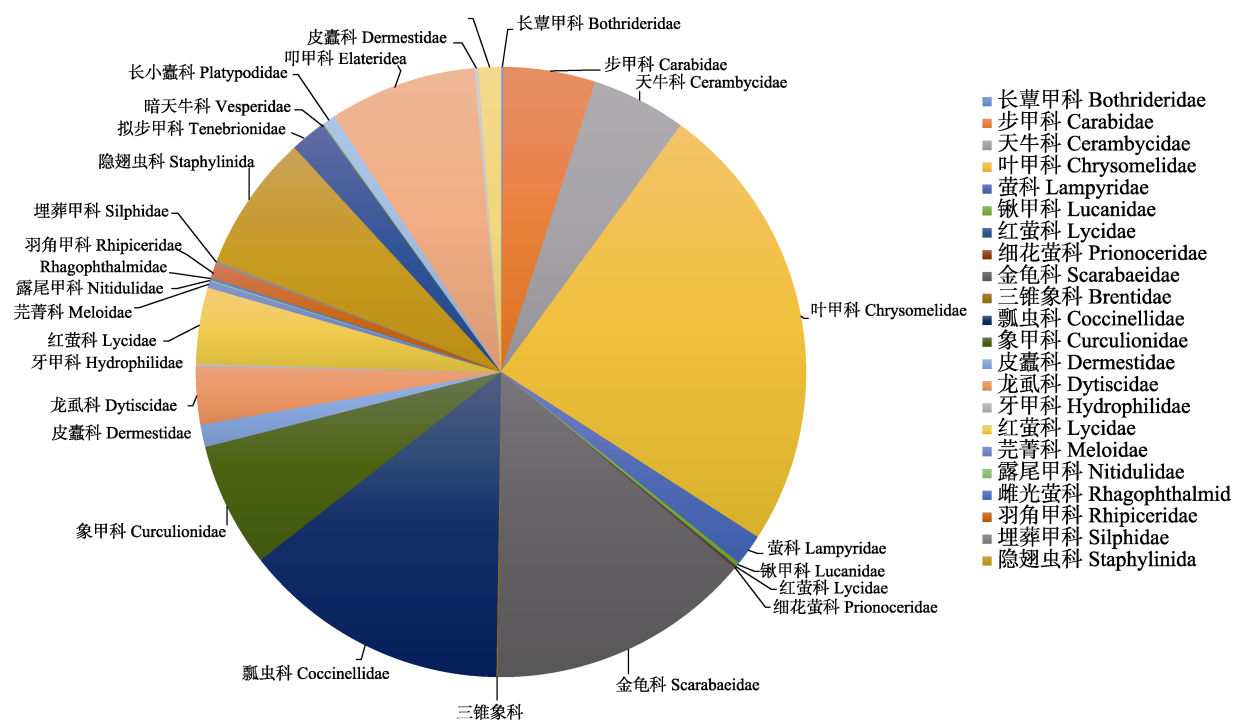


图 3 中国学者对甲虫分子系统学研究涉及的类群统计 (除 3 篇亚目级研究论文外)
Fig. 3 The statistics of the related groups on molecular phylogeny area done by Chinese researchers (except the groups from three sub-order phylogenetic papers)

Yuan 等(2016)涉及到 4 亚目 31 科 59 种 ,Zhang 等(2016b)涉及 13 总科 50 个种 ,Zhang 等(2018c)涉及 4 亚目 124 科 373 种 ;除此之外 ,其他论文的研究对象主要涉及 28 科 ,其中叶甲科种类最多 (图 3)。研究阶元大多数是种或种群 ,少数是亚科级以上的研究(Li *et al.* ,2006d ;Ge *et al.* , 2011 ,2012 ;Zhang *et al.* ,2013 ;Yuan *et al.* ,2016 ; Nie *et al.* , 2018 ; Song *et al.* , 2018 ; Zhang *et al.* , 2018c ; Wang *et al.* , 2019b)。纵观我国鞘翅目分子系统研究来看 ,建国以后尤其是 2016 年以后取得显著成就 ,紧跟国际研究的步伐 ,分子标记由小片段基因发展为组学水平 (线粒体基因组、

转录组和基因组),但是除了少数几篇论文影响较大外,其他论文的研究基本处于分子鉴定及线粒体基因组报道层面(外文期刊发表的 97 篇论文种包含了 44 篇线粒体基因组的报道论文),这些研究在创新性和科学性的设计方面还有待提高。

3.1 中国甲虫亚目级系统学研究

关于鞘翅目亚目及亚科级以上的分类现状,聂瑞娥和杨星科(2013)已经给予详细的总结。鞘翅目各亚目的单系性比较明确,已被多数人认可(Beutel and Haas, 2000; Lawrence *et al.*, 2011; McKenna *et al.*, 2015; Yuan *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2016b, 2018c),但是亚目之间的系统关系目前还存在争议(Beutel and Haas, 2000; Kukalová-Peck and Lawrence, 2004; Pons *et al.*, 2010; Bouchard *et al.*, 2011; 聂瑞娥和杨星科, 2013; Bocak *et al.*, 2014; McKenna *et al.*, 2015; Crampton-Platt *et al.*, 2015; Timmermans *et al.*, 2016; Yuan *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2016, 2018c)。目前关于鞘翅目 4 个亚目之间的系统发育关系尚无明确的定论。

自 1955 年 Crowson 首次提出了鞘翅目亚目系统关系后,很多学者基于形态特征提出了 3 个不同的假说,详见聂瑞娥和杨星科(2013)。由于我国甲虫分类学和形态学研究起步比较晚,分类工作主要着眼于物种鉴定与描述及低级阶元的系统研究,对于高级阶元亚目级的系统研究基本没有,对于总科级的研究也较少。仅陈世骧院士对于总科的系统分类做过系列工作,他于 1940 年基于形态学数据提出了叶甲总科新的分类系统,并于 1964 年探究了叶甲总科的演化及系统关系,陈先生的叶甲总科的分类体系得到很多同行的认可(陈世骧, 1940, 1964)。

随着分子生物学技术鞘翅目系统学的广泛应用,分子数据为解决高级阶元系统发育的研究提供了极为有力的途径,基于分子的数据提出鞘翅目亚目间的系统发育关系的假说主要有 9 个,其中聂瑞娥和杨星科(2013)对前 5 种假说进行了详细论述,另外 4 种新的假说为:

(1) (Archostemata(Polyphaga(Myxophaga+Adephaga))) : 肉亚目和藻食亚目形成姊妹群,该进化支与多食亚目形成姊妹群,原鞘亚目位于基部(Song *et al.*, 2010); (2) (Polyphaga(Myxophaga+(Archostemata+Adephaga))) : 多食亚目和藻食亚目互为姊妹群,肉食亚目和原鞘亚目形成姊妹群(Yuan *et al.*, 2016); (3) (Polyphaga (Myxophaga (Archostemata+Adephaga))) : 原鞘亚目与肉食亚目形成姊妹群,该进化枝与藻食亚目形成姊妹群,多食亚目是其他 3 个亚目的姊妹群,位于基部(Crampton-Platt *et al.*, 2015; Timmermans *et al.*, 2016); (4) (Polyphaga ((Adephaga (Archostemata+Myxophaga))) 原鞘亚目与藻食亚目形成姊妹群,该进化枝与肉食亚目形成姊妹群,多食亚目是其他 3 个亚目的姊妹群,位于基部(McKenna *et al.*, 2015; Zhang *et al.*, 2018c)。

从这几种假说来看,聂瑞娥和杨星科(2013)提及的 3 种假说及本论文里的第 1 种假说用到的分子标记较少,所用物种数目也较少,因此相对来说不太稳定,也不太可靠,不具有说服力。第(2)种假说是我国学者 Yuan 等(2016)利用 59 个线粒体基因组代表 31 个科探究鞘翅目高级阶元的系统关系得出了结论,该结论是基于氨基酸数据的所得出,除了该假说之外该研究基于不同的分析方法及数据类型得出了 4 个亚目其他 5 种不同的系统关系。第(3)和第(4)假说是基于大量的分子标记及大量的物种采样,结果相对可靠,这两个假说的主要的不同在于分子标记的不同,第(3)种假说是基于线粒体基因组的数据,而第(4)种假说基于核蛋白编码数据,两个假说都支持多食亚目位于基部为原始类群,最主要的不同是谁和原鞘亚目是姊妹群。值得一提的是,在基于分子数据解决高级阶元的系统关系中,我国中山大学张鹏教授研究团队基于 95 个核蛋白编码基因对 373 个甲虫种探究了鞘翅目高级阶元的系统关系并对做了分歧时间的分析,该研究是目前使用分子标记最多的研究,涵盖了鞘翅目 67% 的科(124 科),研究结果支持第(4)种假说,但是由于原鞘亚目和藻食亚目分别仅包

含了一个种类,因此该研究所支持的亚目的系统关系仅限于本研究,更稳健的系统关系需要将来采用更广泛的更均衡的分子材料(Zhang *et al.*, 2018c)。

3.2 中国甲虫亚科级以上高级阶元系统学研究

随着分子生物技术的不断成熟和广泛应用,鞘翅目亚科级以上阶元分子系统发育的研究也越来越多。2013 年之前的研究现状在聂瑞娥和杨星科(2013)已经进行了全面的总结。2013 年之后,我国学者关于鞘翅目亚科级以上系统关系的研究共发表论文 4 篇。从 4 个亚目亚科级以上分子系统研究来看,对于原鞘亚目亚科级系统关系,因为分子材料很难获得,其高级阶元研究最为薄弱,目前我国学者仅 Zhang 等(2018c)选用该亚目的一个种类。藻食亚目 3 个科(淘甲科、球甲科、水纓甲科)的高级阶元研究相对比较完善,Yuan 等(2016)基于 59 个线粒体基因组的鞘翅目高级阶元的研究结果支持藻食亚目的球甲总科 Sphaeriusoidea 为单系。肉食亚目两大类群(陆生类群和水生类群的系统关系)及其系统关系研究较多,水生类群是否为单系存在质疑,对于该亚目内高级阶元的研究我国学者在近几年的研究中有所涉猎。Zhang 等(2018c)支持水生类群为并系,水生类群沼梭甲科 Haliplidae 和鼓甲科 Gyrinidae 与其他水生甲虫分开聚为一支位于系统树的基部。Yuan 等(2016)则支持水生类群(Hydradeephaga)为单系,步甲科 Carabidae 为单系。多食亚目是鞘翅目最大的类群,也是研究最多的类群,中国学者有 4 篇论文涉及到该亚目的亚科级以上分子系统学的研究。主要解决多是亚目是否为单系;各分类阶元(亚科以上)是否为单系及其系统关系(Yuan *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2018c; Song *et al.*, 2018a, 2018b; Nie *et al.*, 2018)。其中,有些研究成果在国际同行中也得到了广泛认可,比如 Zhang 等(2018c)的研究结果支持多食亚目为单系,亚目里的金龟系 Scarabaeiformia,扁甲系 Cucujiformia 和长蠹系 Bostrichiformia 为单系性,隐翅虫系 Staphyliniformia,叩甲系 Elateriformia

都为并系,其中扁甲系 Cucujiformia 和长蠹系 Bostrichiformia 为姊妹群,金龟总科和隐翅虫总科更近缘,并证明了小丸甲科 Nosodendridae 与隐翅虫系、长蠹系和扁甲系这三个系组成的进化支互为姊妹群;支持叩甲系里的四总科、隐翅虫系里的隐翅虫总科 Staphylinioidea、金龟系里的金龟总科 Scarabaeoidea、扁甲系里的 7 个总科为单系。Nie 等(2018)基于核基因和线粒体基因组对叶甲科里的萤叶甲亚科 Galerucinae 和跳甲亚科 Alticinae 的系统关系进行了探究,明确证明了萤叶甲和跳甲两个类群具有同等分类级别,为两个独立的亚科互为姊妹群,并对萤叶甲亚科提出了新的 8 族分类体系。

4 存在问题与建议

4.1 目前存在的问题

我国研究甲虫虽然取得了长足的发展和显著的进步,但是,我们必须清醒地认识到不足。通过 70 年来我国学者与外国学者对中国甲虫研究的相关指标比较(图 4)可以清楚地看到,无论是新阶元的发现,还是论文数量,甚至是涉及的研究类群,我们与国际研究都有较大差距。这些只是表面的问题,更深入的问题我们认为有以下几个方面:

第一,野外工作差距较大。70 年来,我们野外考察主要精力放在了青藏高原和云贵川高原,其他地区的考察工作不系统,不全面,约有 2/3 国土未进行过系统采集;采集手段还比较落后,野外工作基本上处于平面化和点状化的采集模式,做不到立体化、层次化采集,特殊类群采集有限。

第二,模式标本检视率比较低,虽然近些年我们国家投入了大量的经费使得分类工作者有更多的机会去国外检视模式标本,但是这些分类学工作者大多出自于我国高水平的研究单位和大学,普通高校研究者的模式标本检视率还是很低。

第三,分类研究层次较浅。我国的分类学水平主要还是处于解决种级层面,对已知种的研究基本上是参照西方专家的工作基础,我们多数分

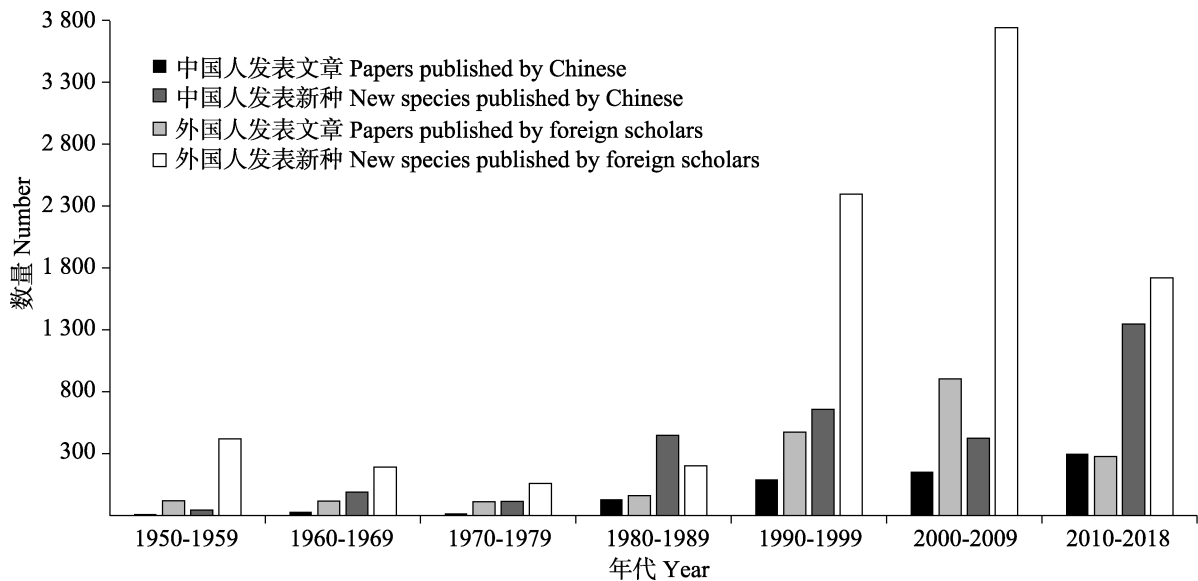


图 4 中国学者与外国学者对中国甲虫研究的相关指标比较图

Fig. 4 The comparison statistics between Chinese and foreign scholars on Chinese beetle researches

类学论文还在中低水平上徘徊,近缘种的区别、隐种的发现、类群的修订、各阶元的形态指标、分类系统的确立、系统发育重建等只是一些初步探索,远未达到系统和深入,研究成果提升不够,未提出被同行认可的分类体系。

第四,研究方法相对落后。纵观建国 70 年中国甲虫研究的现状,无论是形态学研究还是分子生物学研究,从论文的数量及研究成果的贡献度都落后于西方国家。形态学方面我们从传统的形态学转型到现代形态学(主要是几何形态学),分子生物学从小片段到组学水平,我们取得了一定的成绩,但是这些研究基本都是跟随国际同行的脚步,创新性还不够。

第五,国际交流不够广泛,很难引领本领域的发展。目前世界各大类群都有相应的组织、网站并定期组织专题会议。我国鞘翅目研究者除了几个较高水平的研究单位及院校外,很少有人参加,在这个层面我们有一点声音、有一些动作,但基本上处于无足轻重状态,没有影响力和话语权。

4.2 建议

基于以上问题,我们提出以下建议以供同行参考。

第一,充分发挥甲虫专业委员会的作用,积

极策划、认真组织、全面协调、做好甲虫资源考察的详细规划,并通过相关渠道,希望得到政府相关部门的支持;抓紧国内的系统考察,要根据我国三大生态地理区特点,从国家生态环境恢复与持续发展战略出发,把甲虫的生物多样性研究与经济和社会发展紧密结合;同时,要有目的地对周围国家和国际上关键地区进行考察,系统收集甲虫各类群的标本资源,把我国逐步建成国际甲虫研究中心之一;要尽快创建鞘翅目工作网站,争取创建专门的鞘翅学刊物,为大家建立交流互动的平台和发表研究成果的园地。

第二,有计划、有组织的对存在国外的、模式产地在中国的模式标本进行核查、建库,再研究通过交换、购买等进行收集,起码要把标本拍照、详细资料进行整理,同时,加快地模的工作;对一些有文献记载,但没有标本的种类,要通过定向采集,国际交换等方式进行补充和深入研究,在此基础上,加快中国动物志鞘翅目各类群的编写。

第三,建立中国鞘翅目物种多样性数据库。要通过争取国家支持,在做好各类群动物志的基础上,加快建立我国鞘翅目物种多样性数据库;要发动大家通过与国际同行专家索取、交换,通过出国期间有目的的收集、通过各种电子资料库

收集、甚至通过购买等,建立统一的甲虫文献资料库,便于大家共享共用;建立我国甲虫标本库,建立标本互借互用的良好机制,创造条件,与国际各大博物馆、标本馆标本库链接,为大家搭建标本使用的良好平台。

第四,扩大国际合作范围,加大国际合作力度。要充分发挥甲虫专业委员的作用,加强与国际相关机构的联系,深化各大类群的定向合作,积极参与鞘翅目重大科学问题的研究,定期组织专题学术会议和培训会议,全面提升我国甲虫学者的科研实力。

第五,要重点思考、前瞻布局鞘翅目关键科学问题,加快提升我国鞘翅学的研究水平。对于基础好、实力强、条件具备的研究单位或专家,希望紧跟国际前沿,在鞘翅目起源与演化方面通过提早布局、缜密筹划、积极推动,做出具有国际影响力的优秀成果;更多的学者要努力实现对相关类群做出世界性的系统修订、系统发育重建和分类系统确立、具有重要影响力的工作;要坚持思路创新、方法创新,把分子系统学、生物成像、形状数字化与三维重建更好的应用到鞘翅学研究工作中,为世界鞘翅学的发展做出中国学者应有的贡献。

致谢:感谢庞虹教授、周红章研究员、黄敏教授、石爱民教授、胡红英教授、万霞博士、李竹博士、王兴民博士、巴义彬博士、殷子为博士、金振宇博士、刘宁博士等提供各单位研究生培养名单;感谢杨玉霞教授提供软鞘类物种数据、任立博士提供象甲总科物种数据、雷启龙同学帮助查阅动物学记录。

参考文献 (References)

- Ali H, Muhammad A, Bala N, Wang G, Chen Z, Peng Z, Hou Y, 2018a. Genomic evaluations of Wolbachia and mtDNA in the population of coconut Hispine beetle, *Brontispa longissima* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127: 1000–1009.
- Ali H, Muhammad A, Bala NS, Hou Y, 2018b. The endosymbiotic Wolbachia and host COI gene enables to distinguish between two invasive palm pests; coconut leaf beetle, *Brontispa longissima* and Hispid leaf beetle, *Octodonta nipae*. *Journal of Economic Entomology*, 111(6): 2894–2902.
- An YL, Diao CH, Zhu HB, Jiao GY, 1998. The RAPA assessment of three sibling species of *Monochamus* Guer (Coleoptera: Cerambycidae). *Journal of Nanjing Forestry University*, 22(4): 35–38. [安榆林, 刁彩华, 朱宏斌, 焦国尧, 1998. 墨天牛属三个近缘种的 RAPD 分析. 南京林业大学学报, 22(4): 35–38.]
- An YL, Yang XJ, Ye JL, Lu Q, Xu M, Wu YK, 2016. Application of DNA barcoding identification kit to identify bark beetles of the genus *Dendroctonus* Erichson (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae). *Acta Entomologica Sinica*, 59(8): 888–895.
- Beutel R, Haas F, 2000. Phylogenetic relationships of the suborders of Coleoptera (Insecta). *Cladistics*, 16: 103–141.
- Bin SY, Qu MQ, Li KM, Peng ZQ, Wu ZZ, Lin JT, 2017. Antennal and abdominal transcriptomes reveal chemosensory gene families in the coconut Hispine beetle, *Brontispa longissima*. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-017-03263-1.
- Bocak L, Barton C, Crampton-Platta A, Chesters D, Ahrens D, Vogler AP, 2014. Building the coleoptera tree-of-life for > 8 000 species: composition of public DNA data and fit with Linnaean classification. *Systematic Entomology*, 39(1): 97–110.
- Bouchard P, Bousquet Y, Davies AE, Alonso-Zarazaga MA, Lawrence JF, Lyal CHC, Newton AF, Reid CAM, Schmitt M, Ślipiński SA, 2011. Family-group names in Coleoptera (Insecta). *ZooKeys*, 88: 1–972.
- Chang H, Liu Q, Hao D, Liu Y, An Y, Qian L, Yang X, 2014. DNA barcodes and molecular diagnostics for distinguishing introduced *Xyleborus* (Coleoptera: Scolytinae) species in china. *Mitochondrial DNA*, 25(1): 63–69.
- Che LH, Zhang SQ, Li Y, Liang D, Pang H, Ślipiński A, Zhang P, 2017. Genome-wide survey of nuclear protein-coding markers for beetle phylogenetics and their application in resolving both deep and shallow-level divergences. *Molecular Ecology Resources*, 17(6): 1342–1358.
- Chen NZ, Tang DL, Liu YP, 1997. The initial research on distinguish four warehousing larvae using PAPD-PCR technology. *Plant Protection*, 23(3): 20–21. [陈乃中, 汤德良, 刘永平, 1997. 利用 PAPD-PCR 技术区分 4 种仓虫幼虫的初步研究. 植物保护, 23(3): 20–21.]
- Chen SC, 1940. Attempt at a new classification of the leaf beetles. *Sinensia*, 11(5/6): 451–481.
- Chen SC, 1964. Evolution and classification of the Chrysomelid beetles. *Acta Entomologica Sinica*, 13(4): 469–483. [陈世骧, 1940. 叶甲的演化与分类. 昆虫学报, 13(4): 469–483.]
- Chen SC, Kung YT, 1955. Notes on the Chinese species of the *Halticine* Genus *Phyllotreta* Steph. *Acta Entomologica Sinica*,

- 5(3): 317–326. [陈世骧, 龚韵清, 1955. 中国黄条跳甲记述. 昆虫学报, 5(3): 317–326.]
- Chen SC, Kung YT, 1959. Notes on Chinese cucumber beetles of the Genus *Aulacophora* Chevrolat. *Acta Entomologica Sinica*, 9(4): 373–387. [陈世骧, 龚韵清, 1959. 中国守瓜属记述. 昆虫学报, 9(4): 373–387.]
- Chen SC, Tan CC, 1973. A new family of Coleoptera from the lower Cretaceous of Kansu. *Acta Entomologica Sinica*, 16(2): 169–178. [陈世骧, 谭娟杰, 1973. 甘肃白垩纪的一个甲虫新科. 昆虫学报, 16(2): 169–178.]
- Chen XQ, Jiang SH, Li GJ, 2008. Application of molecular biologic techniques in Coleoptera systematic studies. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 27(4): 553–557.
- Chen Y, Liu J, Cao Y, Zhou S, Wan X, 2018. Two new complete mitochondrial genomes of *Dorcus* stag beetles (Coleoptera, Lucanidae). *Genes & Genomics*, 40(8): 873–880.
- Chen ZT, Yu B, Du YZ, 2016. The nearly complete mitochondrial genome of a snout weevil, *Eucryptorrhynchus brandti* (Coleoptera: Curculionidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(4): 2736–2737.
- Cognato AI, Sun JH, 2007. DNA based cladograms augment the discovery of a new *Ips* species from china (coleoptera: Curculionidae: Scolytinae). *Cladistics*, 23(6): 539–551.
- Crampton-Platt A, Timmermans MJ, Gimmel ML, Kutty SN, Cockerill TD, Vun Khen C, Vogler AP, 2015. Soup to tree: the phylogeny of beetles inferred by mitochondrial metagenomics of a bornean rainforest sample. *Molecular Biology and Evolution*, 32(9): 2302–2316.
- Crowson RA, 1955. The Natural Classification of the Families of Coleoptera. London: Nathaniel Lloyd & Co., Ltd. 1–187.
- Du C, He SL, Song XH, Zhang XY, Yue BS, 2016. The complete mitochondrial genome of *Epicauta chinensis* (Coleoptera: Meloidae) and phylogenetic analysis among Coleopteran insects. *Gene*, 578(2): 274–280.
- Du C, Zhang L, Lu T, Ma J, Zeng C, Yue B, Zhang X, 2017. Mitochondrial genomes of blister beetles (Coleoptera, Meloidae) and two large intergenic spacers in *Hycleus* genera. *BMC Genomics*, doi: 10.1186/s12864-017-4102-y.
- Evans JD, McKenna D, Scully E, Cook SC, Dainat B, Egekwu N, Grubbs N, Lopez D, Lorenzen MD, Reyna SM, Rinkevich FD, Neumann P, Huang Q, 2018. Genome of the small hive beetle (*Aethina tumida*, Coleoptera: Nitidulidae), a worldwide parasite of social bee colonies, provides insights into detoxification and herbivory. *Gigascience*, doi: 10.1093/gigascience/giy138.
- Fei LV, Yang WY, Chen ZT, Qiang X, Zhou YJ, Du YZ, 2017. Three partial mitochondrial genomes from *Ips* (Coleoptera: Curculionidae, Scolytinae) contribute to the phylogeny of Scolytinae. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 20(3): 1007–1013.
- Feng B, Chen L, E YL, Zheng KD, 2010. Phylogenetic analysis of the Prionini (Coleoptera: Cerambycidae: Prioninae) from china based on mitochondrial ribosomal RNA genes and Cytochrome oxidase I gene. *Zootaxa*, (2487): 1–18.
- Fu J, Zhang YC, 2006. Sequence analysis of mtDNA-COI gene and molecular phylogeny on twenty-seven species of coccinellids (Coleoptera: Coccinellidae). *Entomotaxonomia*, 28(3): 179–186.
- Ge DY, Chesters D, Gómez-Zurita J, Zhang LJ, Yang XK, Vogler AP, 2011. Anti-predator defence drives parallel morphological evolution in flea beetles. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278 (1715): 2133–2141.
- Ge DY, Gómez-Zurita J, Chesters D, Yang XK, Vogler AP, 2012. Suprageneric systematics of flea beetles (Chrysomelidae: Alticinae) inferred from multilocus sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 62(3): 793–805.
- Gu J, Mao YQ, Wang LP, Xu JJ, Zhang Y, Du YZ, 2009. Genetic differentiation among different geographic populations of the cowpea weevil, *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Bruchidae). *Acta Entomologica Sinica*, 52(12): 1349–1355. [顾杰, 毛雅琴, 王莉萍, 许佳君, 张愚, 杜予州. 四纹豆象不同地理种群的遗传分化. 昆虫学报, 52(12): 1349–1355.]
- Guo Q, Xu J, Dai X, Liao C, Long C, 2017. Complete mitochondrial genome of a leaf-mining beetle, *Rhadinosa nigrocyanea* (Coleoptera: Chrysomelidae) with phylogenetic consideration. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 2(2): 446–448.
- Guo X, Zhang Y, Liu G, Zhang Z, Wang J, Fang H, 2012. Sequence analysis of mitochondrial 16s rRNA-ND1 gene from the partial species in Rutelinae (Coleoptera: Scarabaeidae). *Journal of Shenyang Agricultural University*, 43(2): 189–194.
- Han Z, Zhao L, Ma R, Hao J, Jia D, 2011. Genetic diversity of introduced natural enemy *Agasicles hygrophila* (Coleoptera: Chrysomelidae). *The Journal of Applied Ecology*, 22(11): 3047–3052.
- Hua LZ, 2000. List of Chinese Insects. Vol. I. Guangzhou: Zhongshan University Press. 448. [华立中, 2000. 中国昆虫名录, 第一卷. 广州, 中山大学出版社. 448.]
- Huang W, Liang X, Xie X, Wang X, Chen X, 2019. Phylogenetic analysis of the genus *Scymnus* Kugelann (Coleoptera: Coccinellidae) from china based on 12s, 16s and 28s rRNA gene sequences. *Acta Entomologica Sinica*, 62(2): 241–254.
- Huang YC, Li WF, Lu W, Chen YJ, Zhang YP, 2001. Mitochondrial DNA DN4 sequence variation and phylogeny of five species of Bostrychidae (Coleoptera). *Acta Entomologica Sinica*, 44(4): 494–500. [黄永成, 李伟丰, 陆温, 陈永久, 张亚平, 2001. 长蠹科几种检疫性害虫的 nd4 基因序列及系统进化. 昆虫学报,

- 44(4): 494–500.]
- Ikeda H, Kubota K, Cho YB, Liang H, Sota T, 2009. Different phylogeographic patterns in two Japanese *Silpha* species (Coleoptera: Silphidae) affected by climatic gradients and topography. *Biological Journal of the Linnean Society*, 98(2): 452–467.
- Jiang SH, Chen XQ, Wu SJ, Meng ZY, Li GJ, 2009. Molecular phylogenetic analysis of Elateridae (Insecta: Coleoptera) based on 28s rDNA gene fragments. *Acta Entomologica Sinica*, 52(1): 74–83.
- Jiang SN, 1951. Classification of Cerambycidae in Guangxi and Guizhou provinces. *Journal of Beijing Museum*, 20(1): 47–52. [蒋书楠, 1951. 广西贵州两省天牛科分类. 北京博物杂志, 20(1): 47–52.]
- Jing L, Zhou SJ, Chen YJ, Wan X, 2018. Mitogenome of the Monotypic genus *Rhaetus* (Coleoptera: Scarabaeidae: Lucanidae). *Journal of Entomological Science*, 53(4): 503–513.
- Jäch MA, Ji L, 1995. Water Beetles of China. Vol. I. Wien: Zoologisch-Botanische Gesellschaft in Österreich and Wiener ColeopteroLogenverein. 410.
- Jäch MA, Ji L, 1998. Water Beetles of China. Volume II. Wien: Zoologisch-Botanische Gesellschaft in Österreich and Wiener ColeopteroLogenverein. 371.
- Jäch MA, Ji L, 2003. Water Beetles of China. Volume III. Wien: Zoologisch-Botanische Gesellschaft in Österreich and Wiener ColeopteroLogenverein. 572.
- Kim CG, Zhou HZ, Imura Y, Tominaga O, Su ZH, Osawa S, 2000. Pattern of morphological diversification in the Leptocarabus ground beetles (Coleoptera: Carabidae) as deduced from mitochondrial ND5 gene and nuclear 28s rDNA sequences. *Molecular Biology and Evolution*, 17(1): 137–145.
- Kukalová-Peck J, Lawrence JF, 2004. Relationships among Coleopteran suborders and major endoneopteran lineages: evidence from hind wing characters. *European Journal of Entomology*, 101: 95–144.
- Kung YT, Chen SC, 1954b. Notes on Chinese Halticinae of the Genus *Luperomorpha* Weise. *Acta Entomologica Sinica*, 4(1): 83–97. [龚韵清, 陈世骧, 1954a. 中国寡毛跳(虫斧)记述. 昆虫学报, 4(1): 83–97.]
- Kung YT, Chen SC, 1954b. Notes on the Chinese and Tonkinese species of Halticine Genus *Hespera* Weise. *Acta Entomologica Sinica*, 4(2): 149–163. [龚韵清, 陈世骧, 1954b. 中国及越南东京毛跳(虫斧)记述. 昆虫学报, 4(2): 149–163.]
- Lawrence JF, Ślipiński A, Seago AE, Thayer MK, Newton AF, Marvaldi AE, 2011. Phylogeny of the Coleoptera based on morphological characters of adults and larvae. *Annales Zoologici (Warszawa)*, 61: 1–217.
- Li G, Shang N, Wei J, 2012. Sequencing and analysis of the complete mitochondrial genome of *Hylobitelus xiaoi* (Coleoptera: Curculionidae). *Acta Entomologica Sinica*, 55(11): 1306–1314.
- Li L, Liu G, Sun T, Xin T, Li M, Zou Z, Xia B, 2016a. Complete mitochondrial genome of *Cryptolestes pusillus* (Coleoptera: Laemophloeidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3703–3704.
- Li N, Wei JN, Jia D, Li S, Ma RY, 2016b. The complete mitochondrial genome of the flea beetle *Agasicles hygrophila*. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3670–3671.
- Li W, Yang X, Qian L, An Y, Fang J, 2016c. The complete mitochondrial genome of the citrus long-horned beetle, *Anoplophora chinensis* (Coleoptera: Cerambycidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6): 4665–4667.
- Li X, Ou J, Wei Z, Li Y, Tian Y, 2016d. The mitogenomes of three beetles (Coleoptera: Polyphaga: Cucujiformia): New gene rearrangement and phylogeny. *Biochemical Systematics and Ecology*, 69: 101–107.
- Li WF, Huang YC, Chen BL, Chen YJ, Zhang YP, 2001. Comparison and analysis of the sequences of the mitochondrial DNA gene encoding NADH dehydrogenase subunit 4 (ND4) of seven species of Bostrychidae Coleoptera. *Plant Quarantine*, 15(5): 257–262. [李伟丰, 黄永成, 陈邦禄, 陈永久, 张亚平, 2001. 7种长蠹科昆虫的线粒体 DNA ND4 基因序列比较分析. 植物检疫, 15(5): 257–262.]
- Li X, Ogoh K, Ohba N, Liang X, Ohmiya Y, 2007. Mitochondrial genomes of two luminous beetles, *Rhagophthalmus lufengensis* and *R. ohbai* (Arthropoda, Insecta, Coleoptera). *Gene*, 392(1/2): 196–205.
- Li X, Yang S, Xie M, Liang X, 2006. Phylogeny of fireflies (Coleoptera: Lampyridae) inferred from mitochondrial 16s ribosomal DNA, with references to morphological and ethological traits. *Progress in Natural Science*, 16(8): 817–826.
- Li Y, Bocak L, Pang H, 2015a. Molecular phylogeny of *Macrolycus* (Coleoptera: Lycidae) with description of new species from China. *Entomological Science*, 18(3): 319–329.
- Li Y, Gunter N, Pang H, Bocak L, 2015b. DNA-based species delimitation separates highly divergent populations within morphologically coherent clades of poorly dispersing beetles. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 175(1): 59–72.
- Li Y, Pang H, Bocak L, 2017. Molecular phylogeny of the tribe erotini with description of a new genus from China (Coleoptera: Lycidae). *Entomological Science*, 20(1): 213–223.
- Liang RX, Wang ZY, He KL, Bin C, Li J, 2011. Genetic diversity of geographic populations of *Monolepta hieroglyphica* (Motschulsky) (Coleoptera: Chrysomelidae) from North China estimated by mitochondrial COII gene sequences. *Acta Entomologica Sinica*,

- 54(7): 828–837.
- Lin ZQ, Song F, Li T, Wu YY, Wan X, 2017. New mitogenomes of two Chinese stag beetles (Coleoptera, Lucanidae) and their implications for systematics. *Journal of Insect Science*, doi: 10.1093/jisesa/iey041.
- Liu GC, Dong ZW, He JW, Zhao RP, Wang W, Li XY, 2017a. Genome size of 14 species of fireflies (Insecta, Coleoptera, Lampyridae). *Zoological Research*, 38(6): 449–458.
- Liu JH, Jia PF, Luo T, Wang QM, 2017b. Complete mitochondrial genome of white-striped long-horned beetle, *Batocera lineolata* (Coleoptera: Cerambycidae) by next-generation sequencing and its phylogenetic relationship within superfamily Chrysomeloidea. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 2(2): 520–521.
- Liu N, Wang S, Yang X, Song J, Wu J, Fang J, 2018a. The complete mitochondrial genome of *Carabus (Damaster) lafossei* (Coleoptera: Carabidae). *Conservation Genetics Resources*, 10(2): 157–160.
- Liu Q, Li Y, Wang D, Luo R, Tu X, Huang Y, Fu Y, Chen G, 2016. Research on genetic diversity of the rice water weevil, *Lissorhoptrus oryzophilus kuschel* (Coleoptera: Curculionidae) based on ISSR markers. *Journal of Environmental Entomology*, 38(1): 102–112.
- Liu WG, Eberle J, Bai M, Yang XK, Ahrens D, 2015. A phylogeny of Sericini with particular reference to Chinese species using mitochondrial and ribosomal DNA (Coleoptera: Scarabaeidae). *Organisms Diversity & Evolution*, 15(2): 343–350.
- Liu X, Ren G, 2004. 16s rDNA sequences and relationships of nine darkling beetles species. *Journal of Hebei University (Natural Science Edition)*, 24(4): 399–405.
- Liu YB, Ji LZ, Jing TZ, 2008. Morphological and molecular characterization of *Hydrocassis mongolica*, sp. nov. (Coleoptera: Hydrophilidae) from china. *Oriental Insects*, 42: 173–184.
- Liu YQ, Chen DB, Liu HH, Hu HL, Bian HX, Zhang RS, Yang RS, Jiang XF, Shi SL, 2018b. The complete mitochondrial genome of the longhorn beetle *Dorystenes paradoxus* (Coleoptera: Cerambycidae: Prionini) and the implication for the phylogenetic relationships of the Cerambycidae species. *Journal of Insect Science*, doi: 10.1093/jisesa/iey012.
- Lu Y, Zhao Y, Wang Z, Miao S, Liu F, Emery RN, 2018. DNA barcoding, species-specific PCR for the identification of three stored-product pest species of genus *Palorus* (Coleoptera: Tenebrionidae). *Journal of Stored Product Research*, 78: 32–38.
- Ma RY, Jia XY, Liu WZ, Laushman RH, Zhao LL, Jia D, Wang R, 2013. Sequential loss of genetic variation in flea beetle *Agasicles hygrophila* (Coleoptera: Chrysomelidae) following introduction into China. *Insect Science*, 20(5): 655–661.
- McKenna DD, Wild AL, Kanda K, Bellamy CL, Beutel RG, Caterino MS, Farnum CW, Hawks DC, Ivie MA, Jameson ML, Leschen RAB, Marvald A, Mchugh JV, Newton AF, Robertson JA, Thayer, MK, Whiting MF, Lawrence JF, Ślipiński A, Maddison SR, Farrell BD, 2015. The beetle tree of life reveals that Coleoptera survived end-Permian mass extinction to diversify during the Cretaceous terrestrial revolution. *Systematic Entomology*, 40: 835–880.
- Meng ZY, Lei CL, Chen XQ, Shi TX, Chen QJ, Jiang SH, 2018. Phylogenetic analysis of click beetles (Coleoptera: Elateridae) based upon 28S rDNA: phylogeny and classification. *Entomotaxonomia*, 40(3): 231–252.
- Nie RE, Yang XK, 2014. Research progress in mitochondrial genomes of Coleoptera. *Acta Entomologica Sinica*, 57(7): 860–868. [聂瑞娥, 杨星科, 2014. 鞘翅目线粒体基因组研究进展. 昆虫学报, 57(7): 860–868.]
- Nie RE, Breeschoten T, Timmermans MJTN, Nadein K, Xue HJ, Bai M, Huang Y, Yang XK, Vogler AP, 2018. The phylogeny of Galerucinae (Coleoptera: Chrysomelidae) and the performance of mitochondrial genomes in phylogenetic inference compared to nuclear rna genes. *Cladistics*, 34(2): 113–130.
- Nie RE, Lin MY, Xue HJ, Bai M, Yang XK, 2017. Complete mitochondrial genome of *Spiniphilus spinicornis* (Coleoptera: Vesperidae: Philinae) and phylogenetic analysis among cerambycoidea. *Mitochondrial DNA Part A*, 28(1/2): 145–146.
- Nie RE, Xue HJ, Hua Y, Yang XK, Vogler AP, 2012. Distinct species or colour polymorphism? Life history, morphology and sequence data separate two *Pyrrhalta* elm beetles (Coleoptera: Chrysomelidae). *Systematics and Biodiversity*, 10(2): 133–146.
- Nie RE, Yang XK, 2013. Higher level phylogeny of Coleoptera based on molecular methods: current status and problems. *Acta Entomologica Sinica*, 56(9): 1055–1062. [聂瑞娥, 杨星科, 2013. 鞘翅目高级阶元分子系统学：研究现状及存在问题. 昆虫学报, 56(9): 1055–1062.]
- Niu FF, Zhu L, Wang S, Wei SJ, 2016. The mitochondrial genome of the multicolored Asian lady beetle *Harmonia axyridis* (Pallas) and a phylogenetic analysis of the Polyphaga (Insecta: Coleoptera). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(4): 2725–2727.
- Ou J, Liu JB, Yao FJ, Wang XG, Wei ZM, 2016. The complete mitochondrial genome of the American black flour beetle *Tribolium audax* (Coleoptera: Tenebrionidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(2): 958–959.
- Pang H, 2001. Extraction of DNAs in *Menochilus sexmaculata* (Coleoptera: Coccinellidae) and amplification of 16S rDNA fragment by PCR. *Natural Enemies of Insects*, 23(2): 55–59. [庞虹, 2001. 六斑月瓢虫模板 DNA 的制备及 16S rDNA 序列扩

- 增. 昆虫天敌, 23(2): 55–59.]
- Pons J, Ribera I, Bertranpetit J, Balke M, 2010. Nucleotide substitution rates for the full set of mitochondrial protein-coding genes in Coleoptera. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 56: 796–807.
- Pu CL, 1956. The genus *Hydraena* Kugel of China (Coleoptera, Palpicornia). *Acta Entomologica Sinica*, 6(3): 299–310. [蒲蛰龙, 1956. 中国牙甲总科长须甲属昆虫志. 昆虫学报, 6(3): 299–310.]
- Pu CL, 1958. The genus *Ochithebius* Leach of China (Coleoptera, Palpicornia). *Acta Entomologica Sinica*, 8(3): 299–310. [蒲蛰龙, 1958. 中国牙甲科滨甲属昆虫志. 昆虫学报, 8(3): 247–258.]
- Richards S, Gibbs RA, Weinstock GM, Brown SJ, Denell R, Beeman RW, Gibbs R, Bucher G, Friedrich M, Grimmelikhuijzen CJP, Klingler M, Lorenzen MD, Roth S, Schroeder R, Tautz D, Zdobnov EM, Muzny D, Attaway T, Bell S, Buhay CJ, Chandrabose MN, Chavez D, Clerk-Blankenburg KP, Cree A, Dao M, Davis C, Chacko J, Dinh H, Dugan-Rocha S, Fowler G, Garner TT, Garnes J, Gnirke A, Hawes A, Hernandez J, Hines S, Holder M, Hume J, Jhangiani SN, Joshi V, Khan ZM, Jackson L, Kovar C, Kowis A, Lee S, Lewis LR, Margolis J, Morgan M, Nazareth LV, Nguyen N, Okwuonu G, Parker D, Ruiz SJ, Santibanez J, Savard J, Scherer SE, Schneider B, Sodergren E, Vattahil S, Villasana D, White CS, Wright R, Park Y, Lord J, Oppert B, Brown S, Wang L, Savard J, Liu Y, Worley K, Elsik CG, Reese JT, Elhaik E, Landan G, Graur D, Arensburger P, Atkinson P, Beidler J, Demuth JP, Drury DW, Du YZ, Fujiwara H, Maselli V, Osanai M, Robertson HM, Tu Z, Wang JJ, Wang S, Song H, Zhang L, Sodergren E, Werner D, Stanke M, Morgenstern B, Solovyev V, Kosarev P, Brown G, Chen HC, Ermolaeva O, Hlavina W, Kapustin Y, Kiryutin B, Kitts P, Maglott D, Pruitt K, Sapojnikov V, Souvorov A, Mackey AJ, Waterhouse RM, Wyder S, Zdobnov EM, Kriventseva EV, Kadowaki T, Bork P, Aranda M, Bao R, Beermann A, Berns N, Bolognesi R, Bonneton F, Bopp D, Butts T, Chaumot A, Denell RE, Ferrier DEK, Gordon CM, Jindra M, Klingler M, Lan Q, Lattorff HMG, Laudet V, von Levetsow C, Liu Z, Lutz R, Lynch JA, da Fonseca RN, Posnien N, Reuter R, Roth S, Schinko JB, Schmitt C, Schoppmeier M, Shippey TD, Simonnet F, Marques-Souza H, Tomoyasu Y, Trauner J, Van der Zee M, Vervoort M, Wittkopp N, Wimmer EA, Yang X, Jones AK, Sattelle DB, Ebert PR, Nelson D, Scott JG, Muthukrishnan S, Kramer KJ, Arakane Y, Zhu Q, Hogenkamp D, Dixit R, Jiang H, Zou Z, Marshall J, Elpidina E, Vinokurov K, Oppert C, Evans J, Lu Z, Zhao P, Sumathipala N, Altincicek B, Vilcinskas A, Williams M, Hultmark D, Hetru C, Hauser F, Cazzamali G, Williamson M, Li B, Tanaka Y, Predel R, Neupert S, Schachtner J, Verleyen P, Raible F, Walden KKO, Robertson HM, Angeli S, Foret S, Schuetz S, Maleszka R, Miller SC, Grossmann D, Tribolium Genome Sequencing C, 2008. The genome of the model beetle and pest *Tribolium castaneum*. *Nature*, 452(7190): 949–955.
- Shi JF, Sun QK, Mu LL, Guo WC, Li GQ, 2017. Transcription response of three putative trehalase genes to hormonal stimulation in the Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Applied Entomology and Zoology*, 52(1): 37–49.
- Song H, Sheffield NC, Cameron SL, Miller KB, Whiting MF, 2010. When phylogenetic assumptions are violated: Base compositional heterogeneity and among-site rate variation in beetle mitochondrial phylogenomics. *Systematic Entomology*, 35(3): 429–448.
- Song N, Liu HY, Yang XJ, Zhao XC, Lin AL, 2018a. Complete mitochondrial genome of the darkling beetle *Gonocephalum outreya* (Coleoptera: Tenebrionidae) with phylogenetic implications. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 21(2): 721–730.
- Song N, Yin X, Zhao X, Chen J, Yin J, 2018b. Reconstruction of mitogenomes by NGS and phylogenetic implications for leaf beetles. *Mitochondrial DNA Part A*, 29(7): 1041–1050.
- Song N, Zhang H, 2018. The mitochondrial genomes of phytophagous scarab beetles and systematic implications. *Journal of Insect Science*, 18(6): 11.
- Song N, Zhang H, Yin X, Lin A, Zhai Q, 2017. The complete mitochondrial genome sequence from the longicorn beetle *Obrium* sp. (Coleoptera: Cerambycidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 28(3): 326–327.
- Su ZH, Imura Y, Okamoto M, Kim CG, Zhou HZ, Paik JC, Osawa S, 2004. Phylogeny and evolution of Digitulati ground beetles (Coleoptera, Carabidae) inferred from mitochondrial ND5 gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 30(1): 152–166.
- Su ZH, Imura Y, Osawa S, 2005. Evolutionary history of Calosomina ground beetles (Coleoptera, Carabidae, Carabinae) of the world as deduced from sequence comparisons of the mitochondrial ND5 gene. *Gene*, 360(2): 140–150.
- Su ZH, Imura Y, Zhou HZ, Okamoto M, Osawa S, 2003. Mode of morphological differentiation in the Latitarsi-ground beetles (Coleoptera, Carabidae) of the world inferred from a phylogenetic tree of mitochondrial ND5 gene sequences. *Genes & Genetic Systems*, 78(1): 53–70.
- Sun TY, Li L, Xin T, Wang Y, Xia B, 2016. The complete mitochondrial genome of *Cryptolestes ferrugineus* (Stephens) (Coleoptera: Laemophloeidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3676–3677.
- Tang PA, Zhang L, Li XP, Li FF, Yuan ML, 2017. The complete mitochondrial genome of *Sympiezomias velatus* (Coleoptera:

- Curculionidae). *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 2(2): 449–450.
- Tang QF, Shen C, Zhang Y, Yang ZP, Han RR, Wang J, 2019. Antennal transcriptome analysis of the maize weevil *Sitophilus zeamais*: Identification and tissue expression profiling of candidate odorant-binding protein genes. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, doi: 10.1002/arch.21542.
- Timmermans MJTN, Barton C, Haran J, Ahrens D, Culverwell CL, Ollikainen A, Dodsworth S, Foster PG, Bocak L, Vogler AP, 2016. Family-level sampling of mitochondrial genomes in Coleoptera: compositional heterogeneity and phylogenetics. *Genome Biology and Evolution*, 8: 161–175.
- Toussaint EFA, Beutel RG, Moriniere J, Jia F, Xu S, Michat MC, Zhou X, Bilton DT, Ribera I, Hajek J, Balke M, 2016. Molecular phylogeny of the highly disjunct cliff water beetles from South Africa and China (Coleoptera: Aspidytidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 176(3): 537–546.
- Tusong K, Lu X, Liu X, Ma J, 2016. Transcriptomic analysis of the desert beetle *Microdera punctipennis* (Coleoptera: Tenebrionidae) in response to short-term cold stress. *Acta Entomologica Sinica*, 59(6): 581–591.
- Vasilikopoulos A, Balke M, Beutel RG, Donath A, Podsiadlowski L, Pflug JM, Waterhouse RM, Meusemann K, Peters RS, Escalona HE, Mayer C, Liu S, Hendrich L, Alarie Y, Bilton DT, Jia F, Zhou X, Maddison DR, Niehuis O, Misof B, 2019. Phylogenomics of the superfamily Dytiscoidea (Coleoptera: Adephaga) with an evaluation of phylogenetic conflict and systematic error. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 135: 270–285.
- Wang CY, Feng Y, Chen XM, 2016a. The complete mitochondrial genome of a medicinal insect *Martianus dermestoides* (Coleoptera, Tenebrionidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(3): 1627–1628.
- Wang JZ, Hu P, Gao P, Tao J, Luo YQ, 2017a. Antennal transcriptome analysis and expression profiles of olfactory genes in *Anoplophora chinensis*. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-017-15425-2.
- Wang J, Lan DY, Dai XY, Yu DN, Storey KB, Zhang JY, 2019a. The complete mitochondrial genome of *Xystrocera globosa* (Coleoptera: Cerambycidae) and its phylogeny. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 4(1): 1647–1649.
- Wang K, Hong W, Jiao HW, Zhao HB, 2017b. Transcriptome sequencing and phylogenetic analysis of four species of Luminescent beetles. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-017-01835-9.
- Wang Q, Tang G, 2017. Genomic and phylogenetic analysis of the complete mitochondrial DNA sequence of walnut leaf pest *Paleosepharia posticata* (Coleoptera: Chrysomeloidea). *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 20(3): 840–853.
- Wang QQ, Tang GH, 2018. The mitochondrial genomes of two walnut pests, *Gastrolina depressa depressa* and *G. depressa thoracica* (Coleoptera: Chrysomelidae), and phylogenetic analyses. *Peer J*, doi: 10.7717/peerj.4919.
- Wang Y, Yu D, Zhang R, Xu L, Chen Z, Jiao Y, 2010. Molecular phylogeny of ten Platypodid species (Coleoptera: Platypodidae) based on mitochondrial cytochrome oxidase I gene. *Acta Entomologica Sinica*, 53(4): 457–463.
- Wang YT, Liu YX, Tong XL, Ren QP, Jiang GF, 2016b. The complete mitochondrial genome of the longhorn beetle, *Massicus raddei*. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1): 209–211.
- Wang ZL, Wang TZ, Zhu HF, Wang ZY, Yu XP, 2019b. DNA barcoding evaluation and implications for phylogenetic relationships in ladybird beetles (Coleoptera: Coccinellidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 30(1): 1–8.
- Wei Z, Yin X, An S, Su L, Li J, Zhang H, 2014. Molecular phylogenetic study of the higher taxa of the superfamily Cerambycoidea (Insecta: Coleoptera) based on the combined analysis of ribosomal DNA sequences. *Acta Entomologica Sinica*, 57(6): 710–720.
- Wu CF, 1937. Catalogus Insectorum Siensium (Catalogue of Chinese Insects). Volume III. The Fan Memorial Institute of Biology. Peiping, China. 1312.
- Wu L, Nie R, Bai M, Yang Y, 2019. The complete mitochondrial genome of *Idgia oculata* (Coleoptera: Cleroidea: Prionoceridae) and a related phylogenetic analysis of Cleroidea. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 4(1): 491–493.
- Wu W, Li G, 2010. Molecular phylogeny of ten Galerucinae species (Coleoptera, Chrysomelidae) and its application to life type evolution in. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 35(3): 523–529.
- Wu Y, Liu Y, Chen X, 2018a. The complete mitochondrial genomes of *Hycleus cichorii* and *Hycleus phaleratus* (Coleoptera: Meloidae). *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 3(1): 159–160.
- Wu YM, Li J, Chen XS, 2018b. Draft genomes of two blister beetles *Hycleus cichorii* and *Hycleus phaleratus*. *GigaScience*, 7(3): giy006.
- Wu YY, Cao YY, Fang J, Wan X, 2016. The first complete mitochondrial genome of stag beetle from China, *Prosopocoilus gracilis* (Coleoptera, Lucanidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(4): 2633–2634.
- Xi Q, Wang X, 2010. The simple exposition of phylogenetic study in Hydradephaga. *Chinese Bulletin of Entomology*, 47(6): 1274–1279.
- Xie YZ, 1959. Yunnan biological investigation report of the Chinese Academy of Soviet Union (Coleoptera, Languriidae). *Acta Entomologica Sinica*, 9(3): 234–240. [谢蕴贞, 1959. 中国苏联科学院云南生物考察报告(鞘翅目, 拟叩头虫科). 昆虫学报,

- 9(3): 234–240.]
- Yang H, Cai Y, Zhuo Z, Yang W, Yang C, Zhang J, Yang Y, Wang B, Guan F, 2018a. Transcriptome analysis in different developmental stages of *Batocera horsfieldi* (Coleoptera: Cerambycidae) and comparison of candidate olfactory genes. *PLoS ONE*, 13(2): e0214472.
- Yang H, Li Y, 2019. Complete mitochondrial genome of *Cylas formicarius* (Coleoptera: Brentidae) from china. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 4(1): 1241–1242.
- Yang W, Zhang Y, Feng S, Liu L, Li Z, 2018b. The first complete mitochondrial genome of the Japanese beetle *Popillia japonica* (Coleoptera: Scarabaeidae) and its phylogenetic implications for the superfamily Scarabaeoidea. *International Journal of Biological Macromolecules*, 118: 1406–1413.
- Yang XZ, Li XP, Wen CL, Jia CL, Zhang L, Yuan ML, 2017. Mitochondrial genome of *Taiwania circumdata* (Coleoptera: Chrysomelidae: Cassidinae) and phylogenetic analysis. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 2(2): 674–675.
- Yang XZ, Zhang L, Feng RQ, Zhang LJ, Luo FZ, Yuan ML, 2019. Mitochondrial genome of *Amphimallon solstitialis* (Coleoptera: Scarabaeidae: Melolonthinae) and phylogenetic analysis. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 4(1): 110–111.
- Yao DB, Chi D, Wu Q, Li X, Yu J, 2011. Molecular phylogenetic relationships of different color forms within *Harmonia axyridis pallas* (Coleoptera: Coccinellidae) based on sequences of 12s rRNA and 16s rRNA gene. *Advanced Material Research*. 83–185, 757–767.
- Yao J, Yang H, Dai R, 2017. Characterization of the complete mitochondrial genome of *Acanthoscelides obtectus* (Coleoptera: Chrysomelidae: Bruchinae) with phylogenetic analysis. *Genetica*, 145(4/5): 397–408.
- Yi JK, Yang S, Wang S, Wang J, Zhang XX, Liu Y, Xi JH, 2018. Identification of candidate chemosensory receptors in the antennal transcriptome of the large black chafer *Holotrichia parallela* Motschulsky (Coleoptera: Scarabaeidae). *Comparative Biochemistry and Physiology D-Genomics & Proteomics*, 28: 63–71.
- Yin H, 2013. Phylogeographic structure of *Pheropsophus jessoensis* (Insecta: Coleoptera: Carabidae) in Tsinling Mountains of China based on mt COI gene analysis. *Chinese Journal of Ecology*, 32(8): 2113–2119.
- Yuan ML, Zhang QL, Zhang L, Guo ZL, Liu YJ, Shen YY, Shao R, 2016. High-level phylogeny of the Coleoptera inferred with mitochondrial genome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 104: 99–111.
- Zhai ZZ, Xue HJ, Wang SY, Yang XK, 2007. Molecular phylogeny of the sympatric species of *Altica* (Coleoptera, Chrysomelidae, Alticinae) with references to their host plant relationship. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 32(1): 137–142.
- Zhang AB, Sota T, 2007. Nuclear gene sequences resolve species phylogeny and mitochondrial introgression in *Leptocarabus* beetles showing trans-species polymorphisms. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 45(2): 534–546.
- Zhang B, Zhang W, Nie RE, Li WZ, Segraves KA, Yang XK, Xue HJ, 2016a. Comparative transcriptome analysis of chemosensory genes in two sister leaf beetles provides insights into chemosensory speciation. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 79: 108–118.
- Zhang CX, Tai LH, Liu XM, 2008. Genetic diversity of seven *Onthophagus gibbulus* (Coleoptera: Scarabaeidae) populations in middle part of Inner Mongolia. *Chinese Journal of Ecology*, 27(9): 1520–1525.
- Zhang H, Langor DW, Ye H, Li Z, Laffin RD, 2007. Genetic divergence among populations of *Pissodes yunnanensis* (Coleoptera: Curculionidae) in southwestern china. *Canadian Entomologist*, 139(3): 308–318.
- Zhang H, Liu N, Han Z, Liu J, 2016b. Phylogenetic analyses and evolutionary timescale of Coleoptera based on mitochondrial sequence. *Biochemical Systematics and Ecology*, 66: 229–238.
- Zhang HL, Liu BB, Wang XY, Han ZP, Zhang DX, Su CN, 2016c. Comparative mitogenomic analysis of species representing six subfamilies in the family Tenebrionidae. *International Journal of Molecular Sciences*, 17(6): 841.
- Zhang JJ, Yang J, Li YC, Liu N, Zhang RZ, 2013. Genetic relationships of introduced Colorado potato beetle *Leptinotarsa decemlineata* populations in Xinjiang, China. *Insect Science*, 20(5): 643–654.
- Zhang L, Wang J, Yang XZ, Li XP, Feng RQ, Yuan ML, 2017a. Mitochondrial genome of *Sitona callosus* (Coleoptera: Curculionidae) and phylogenetic analysis within Entiminae. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 2(2): 538–539.
- Zhang LJ, Wu L, Wei CY, Liu XL, Xue HJ, Yang XK, Nie RE, 2018a. The complete mitochondrial genome of the cowpea weevil, *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Chrysomelidae: Bruchinae) and a related phylogenetic analysis of Chrysomelidae. *Mitochondrial DNA Part B-Resources*, 3(2): 645–647.
- Zhang P, Zhou X, Pang B, Tan Y, Tian S, 2017b. Population genetic diversity and differentiation of *Galeruca daurica* (Coleoptera: Chrysomelidae) from Inner Mongolia based on mitochondrial DNA COI gene sequences. *Journal of Environmental Entomology*, 39(2): 332–341.
- Zhang S, Shu J, Xue H, Zhang W, Wang Y, Liu Y, Wang H, 2018b.

- Genetic diversity in the camellia weevil, *Curculio chinensis* Chevrolat (Coleoptera: Curculionidae) and inferences for the impact of host plant and human activity. *Entomological Science*, 21(4): 447–460.
- Zhang SK, Shu JP, Wang YD, Liu YN, Peng H, Zhang W, Wang HJ, 2019. The complete mitochondrial genomes of two sibling species of camellia weevils (Coleoptera: Curculionidae) and patterns of Curculionini speciation. *Scientific Reports*, doi: 10.1038/s41598-019-39895-8.
- Zhang SQ, Che LH, Li Y, Liang D, Pang H, Ślipiński A, Zhang P, 2018c. Evolutionary history of Coleoptera revealed by extensive sampling of genes and species. *Nature Communications*, doi: 10.1038/s41467-017-02644-4.
- Zhang X, Zhou HZ, 2013. How old are the rove beetles (Insecta: Coleoptera: Staphylinidae) and their lineages? Seeking an answer with DNA. *Zoological Science*, 30(6): 490–501.
- Zhang Y, Guo X, Liu G, Zhang Z, 2011. Application of DNA barcodes to molecular systematics of Coleoptera. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 48(2): 410–416.
- Zhang YC, 1999. RAPD analysis of genomic DNA specimens of dry coccinellid specimens. *Journal of Northwest University (Natural Science Edition)*, 29(6): 581–583. [张迎春, 郑哲民, 1999. 瓢虫干标本基因组 DNA 的提取及 RAPD 分析. 西北大学学报(自然科学版), 29(6): 581–583.]
- Zhang YN, Kang K, Xu L, Zhu XY, Qian JL, Zhang ZJ, He P, Li XM, 2017c. Deep sequencing of antennal transcriptome from *Callosobruchus chinensis* to characterize odorant binding protein and chemosensory protein genes. *Journal of Stored Products Research*, 74: 13–21.
- Zhang Z, Bi G, Liu G, Du Q, Zhao E, Yang J, Shang E, 2017d. Complete mitochondrial genome of *Rhynchophorus ferrugineus*. *Mitochondrial DNA Part A*, 28(1/2): 208–209. 4.
- Zhang Z, Chang Y, Li M, 2017e. Genetic population structure of *Dastarcus helophoroides* (Coleoptera: Bothrididae) from different long-horned beetle hosts based on complete sequences of mitochondrial COI. *Journal of Economic Entomology*, 110(3): 1275–1283.
- Zhang Z, Wang X, Li R, Guo R, Zhang W, Song W, Hao C, Wang H, Li M, 2015. The mitochondrial genome of *Dastarcus helophoroides* (Coleoptera: Bothrididae) and related phylogenetic analyses. *Gene*, 560(1): 15–24.
- Zheng FS, Du YZ, Wang ZJ, Wang LP, 2007. Molecular phylogeny of *Galerucella* spp. (Coleoptera: Chrysomelidae: Galerucinae) based on mitochondrial cytochrome oxidase gene. *Acta Entomologica Sinica*, 50(5): 501–507.
- Zheng H, Zhang Y, Zhang X, Yang M, 2018. Analysis of the antennal transcriptome and olfaction-related genes of *Callosobruchus chinensis* (Coleoptera: Bruchidae). *Acta Entomologica Sinica*, 61(2): 168–177.
- Zheng S, Li J, Wei Y, Gao Y, Zhan G, Yang X, Chen Y, 2016. DNA barcoding identification of Dermestidae species. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6): 4498–4502.
- Zhou X, Han H, Pang B, Zhang P, 2016. The complete mitochondrial genome of *Galeruca daurica* (Joannis) (Coleoptera: Chrysomelidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(4): 2891–2892.