



**A molecular phylogenetic framework for the Muricidae, a diverse family of carnivorous gastropods**

Barco, A., M. Claremont, D.G. Reid, R. Houart, P. Bouchet, S.T. Williams, C. Cruaud, A. Couloux & M. Oliverio, 2010. - *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56: 1025-1039. Downloadsite: <http://uniroma1.academia.edu/AndreaBarco>

In dit artikel wordt de fylogenetische relatie gegeven tussen 77 *Murex* soorten, welke behoren tot 9 van de 10 subfamilies die momenteel worden onderscheiden. Deze relatie is berekend aan de hand van de verdeling van sequentie fragmenten van drie mitochondriale genen, 12S rRNA, 16S rRNA en COI (cytochroom oxidase I) en het kerngen 28S rRNA. De fylogenetische stambomen zijn geconstrueerd en berekend met behulp van twee statische programma's, Bayesian inference en Maximum likelihood, (hoe zo iets ongeveer werkt? Zie Applications Note, Vol. 17(8): 754-755, 2001). Bij een van de cladogrammen wordt een afbeelding van een representant van de betreffende subfamilie weergegeven. De resultaten voor de subfamilies Rapaninae, Ergalataxinae, Ocenebrinae en Haustrinae komen overeen met eerder gepubliceerde stambomen op basis van morfologische gegevens. In het bijzonder de monofylie (voorouder met al zijn nakomelingen in dezelfde groep) in cladistische analyse van anatomische data. Hun resultaten laten verder zien dat de traditionele subfamilie der Muricinae polyfyletisch is (er zitten ook taxa in die niet dezelfde voorouder hebben). Soorten die tot de genera *Pterynotus*, *Pteryarchia*, *Atiliosa* en *Dermomurex* behoren zouden uit deze subfamilie verwijderd moeten worden. Bij de vertegenwoordigers van de subfamilie *Trophoninae* vallen er ook genera buiten de groep. De genera *Homalocantha* en *Vitularia* vertonen geen relatie met de subfamilie waarbij ze nu zijn ingedeeld. In de discussie wordt uitgebreid in gegaan waar deze genera onder geplaatst zouden kunnen worden