

# 猛禽类15种鸟类线粒体tRNA基因序列及二级结构的比较研究

王翔<sup>1</sup>, 孙毅<sup>1</sup>, 袁晓东<sup>2</sup>, 汤敏谦<sup>2</sup>, 王黎<sup>3</sup>, 于业飞<sup>3</sup>, 李庆伟<sup>1</sup>, ①

(1. 辽宁师范大学生命科学学院;大连 116029; 2.宝生物工程(大连)有限公司;大连 116600;3. 蛇岛老铁山国家级自然保护区管理处;大连 116041)

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

## 摘要

利用PCR方法扩增猛禽类13种鸟类线粒体基因组中3个主要的tRNA基因簇: IQM (tRNAIle-tRNAGln-tRNAMet)、WANCY (tRNATrp-tRNAAla-tRNAAsn-tRNACys-tRNATyr)和HSL (tRNAHis-tRNASer (AGY)-tRNAleu(CUN)), 测序后结合GenBank已登陆的游隼和普通鳶相应序列探讨猛禽类共15种鸟类的分子系统进化。3个目的片段长度分别为212~214 bp、353~362 bp、205~208 bp, 通过比较这些tRNA基因序列和二级结构差异, 发现可变核苷酸位点占47%, 这些变异中67%出现在环区, 且存在插入缺失。茎区相对保守, 其中一些变异如双链的互补性碱基突变、GU配对等对于维系tRNA二级结构的稳定性非常重要。以夜鹰为外群分别构建了猛禽类15种鸟类的11个线粒体tRNA基因全序列和茎区序列的 NJ树和MP树, 其中基于全序列的系统发育树分支具有较高的自引导值, 因此该数据集所反映的猛禽类系统发育关系可能更接近真实水平。系统发育分析显示, 隼形目鹰科更接近于鸱鹟科而不是隼科, 而草鹞科分类地位也与传统的形态学和DNA-DNA杂交数据的结论存在分歧。比较物种间tRNA基因二级结构发现, 部分tRNA基因中的核苷酸插入和缺失特征在科水平具有共同衍征, 提示这些特征对于猛禽类科间系统发育关系具有较高的参考价值。

关键词 [猛禽类](#) [tRNA基因簇](#) [二级结构](#) [系统发育](#)

分类号

The Key Laboratory of MOE for Plant Developmental Biology;Wuhan University ;Wuhan 430072;China  
College of Life Sciences;Guangxi Normal University;Guilin 541004;China

## Abstract

**Key words** [mir1](#) [maize](#) [Coix lacryma jobi L](#) [fluorescence in situ hybridization \(FISH\)](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(391KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“猛禽类”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [王翔](#)
- [孙毅](#)
- [袁晓东](#)
- [汤敏谦](#)
- [王黎](#)
- [于业飞](#)
- [李庆伟](#)