

研究论文

基于5.8S rDNA序列论三白草科的系统发育

孟少武 李德铎

中国科学院昆明植物研究所植物分类学研究室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2003-6-27 19:04:00 接受日期

摘要 三白草科(Saururaceae)是古草本的一个核心类群, 它的研究对被子植物起源和早期演化具有重要意义. 本文采用最大简约法(maximum parsimony method)和邻接法(neighbor-joining method)等不同的分析方法, 对三白草科及其外类群齐头绒(Zippeliabegoniaefolia Blume)的5.8S rDNA序列进行分析, 得到一致的结论: Anemopsis最早从三白草科中分离出来, Saururus chinensis和S. cernuus是一对姐妹群, 由于5.8S rDNA序列的变异位点和信息位点相对比较少, Gymnothecachinensis-G. involucrata-Houttuynia-Saururus之间难以通过5.8S rDNA序列的比较进行分辨.

关键词 [5.8S rDNA序列](#) [三白草科](#) [系统学发育](#)

分类号

The Phylogeny of Saururaceae Based on 5.8S rDNA Sequences

MENG Shao-Wu LI De-Zhu LIANG Han-Xing

Department of Plant Taxonomy, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences

Abstract

Saururaceae is a core component of paleoherbs, and is very important for studying the origin and development of early angiosperms. By using different analysis method, such as the maximum parsimony method and the neighbor-joining method, we analyzed the 5.8S rDNA sequences of Saururaceae and the outgroup Zippelia begoniaefolia Blume.

Key words [5.8S rDNA sequences](#) [Saururaceae](#) [Phylogeny](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(106KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“5.8S rDNA序列” 的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [孟少武 李德铎](#)