

研究论文

基于线粒体12S和16S rRNA基因部分序列探讨蚱科12种的系统发育关系(英文)

陈爱辉, 蒋国芳

南京师范大学 生命科学学院, 江苏省生物资源技术重点实验室, 江苏 南京 210097

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 用ABI 377自动测序仪测定了蚱科5属11个种的12S和16S rRNA基因部分序列, 并从GenBank获得1属1种的同源序列; 用Clustal X 1.81比较其同源性, 用Mega 2.1计算序列变异性和遗传距离。在获得的736 bp序列中, A+T含量为71.2%-77.5%, 平均为73.9%; G+C含量为22.5%-28.8%, 平均为26.1%。经Clustal X1.81软件比对, 共得到755个位点, 其中简约信息位点185个。以Cylindraustralia kochii为外群, 构建NJ、MP和ML分子系统树, 结果表明: (1)蚱属并非一个单系群, 而是一个并系群; (2)环江柯蚱Coptitettix huanjiangensis和贡山柯蚱C.gongshanensis为同一个种, 即贡山柯蚱, 而环江柯蚱是贡山柯蚱的同物异名。

**关键词** [蚱](#) [系统发生](#) [12S rRNA基因](#) [16S rRNA基因](#)

**分类号** [Q969.26](#)

**DOI:**

通讯作者:

作者个人主页: 陈爱辉; 蒋国芳

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(178KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [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](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“蚱”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [陈爱辉](#)

• [蒋国芳](#)