

# 用mtDNA 12S rRNA序列变异检验鲤形目鱼类系统发育关系

刘焕章

中国科学院水生生物研究所;武汉430072

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 通过对鲤形目鱼类5个科的代表类群的完整线粒体12S rRNA进行测序和分析,以检验目前的形态学假说。经序列比对后,有1 000个位点,其中467个位点在茎区,533个在环区;有395个位点为变化位点,其中267个为系统发育信息位点。采用邻接法和最大简约法进行了系统发育分析,其结果支持鲤科鱼类成为一个单系群,非鲤科的鲤形目鱼类成为另一个单系群的观点,这与Siebert 提出的假说相一致。鲤科鱼类包含3个主要的分支,即鱼丹系、鲤系和雅罗鱼系;但在非鲤科鲤形目鱼类中,其关系不能得到很好的解决,其中鳅科是复系,平鳍鳅科、条鳅亚科和花鳅亚科可能有较近的亲缘关系。

**关键词** [鲤形目](#) [12S rRNA](#) [系统发育](#)

分类号

Institute of Hydrobiology; Chinese Academy of Sciences; Wuhan 430072; China

## Abstract

**Key words** [Cypriniformes](#) [12S rRNA](#) [phylogeny](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(330KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“鲤形目”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)
- [刘焕章](#)