

应用 16S rRNA 基因 V2 高变区序列进行链霉菌分子分类

徐平, 张利平, 余利岩

1 (河北大学生命科学学院, 河北保定 071002)

2 (中国医学科学院医药生物技术研究所, 北京 100050)

收稿日期 2001-1-2 修回日期 2001-3-19 网络版发布日期 接受日期

摘要 用 16S rRNA 部分序列对 Williams 数值分类系统所包含的链霉菌属种或种群进行系统进化分析。以包含 16S rRNA 基因 V₂ 高变区在内的 120 bp 长核苷酸序列所作的系统进化树表明: 这些链霉菌可分为 34 个簇, 其中大簇 5 个 (包括 27~85 株菌株); 中等大小簇 3 个 (包括 9~12 株菌); 小簇 8 个 (包括 2~6 株菌); 单成员簇 19 个。结果同时表明, Williams 数值分类系统中根据形态、生理、生化特征进行归类而得的种或种群内存在较大异质性。

关键词 [系统进化分析](#) [链霉菌](#) [16S rRNA 基因](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [徐平](#); [张利平](#); [余利岩](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(491KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [参考文献 \[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [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“系统进化分析”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [徐平](#)

· [张利平](#)

· [余利岩](#)