蝰科(Viperidae)蝮亚科(Crotalinae)线粒体12S rRNA基因序列分析及其系统发育

周继亮1, 2, 姚永刚2, 黄美华1, 杨大同3, 吕顺清3, 张亚平2

1.浙江大学医学院基础医学系;杭州 310031; 2.中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放实验室;昆明 650223; 3. 中国科学院昆明动物研究所系统动物学研究室;昆明 650223

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对蝮亚科(蛇岛蝮Gloydius shedaoensis Zhao、黑眉蝮Gloydius saxati lis Emelianov、乌苏里蝮Gloydius ussurriensis Emelianov、竹叶青T rimeresurus stejnegeri Schmidt和分别来自不同地区的尖吻蝮Deina gk istrodon acutus Guenther、短尾复Gloydius brevicaudus Stejneg er各两条)6种蛇共8个个体测定、分析了约370bg线粒体12S rRNA基因序列,以游蛇科链蛇属半棱鳞链蛇Dinodon semicarinatus序列为外群构建分子系统树。分子数据结果支持尖吻蝮形态学的属级分类地位;提示蛇岛蝮位于黑眉蝮的蛇岛亚种分类地位,同时探讨了蛇岛蝮的起源问题;并提示短尾蝮和乌苏里蝮同位于种级分类地位。

关键词 <u>蝮亚科</u> <u>12S rRNA</u> <u>序列分析</u> <u>分子系统树</u>

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ► Supporting info
- ▶ **PDF**(376KB)
- **▶[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

▶ <u>本刊中 包含"蝮亚科"的</u> 相关文章

▶本文作者相关文章

- ・ 周继亮
- 姚永刚
- 黄美华
- <u>杨大同</u>
- · 吕顺清
- · 张亚平