



云南大学学报(自然科学版) » 2002, Vol. 24 » Issue (3): 199-201 DOI:

物理学 [最新目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#) [◀ Previous Articles](#) | [Next Articles ▶▶](#)

### 统计方法求系统树

汪浩

云南大学非线性复杂系统中心 云南 昆明 650091

### Phylogenetic analysis with a statistical method

WANG Hao

Center for Nonlinear Complex Systems, Department of Physics, Yunnan University, Kunming 650091, China

- [摘要](#)
- [参考文献](#)
- [相关文章](#)

全文: [PDF \(155 KB\)](#) [HTML \( KB\)](#) 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) [背景资料](#)

摘要 提出比较2个字符序列的一个统计方法,并将它用于细菌和古细菌的基因序列,得出的系统树显示支持细菌和古细菌分为2个大的类别.

关键词: [系统树](#) [界](#) [相似性](#) [距离](#) [DNA序列](#) [统计方法](#)

Abstract: A new statistical method to analyze symbolic sequences is proposed. The DNA sequences of prokaryotes are analyzed. The phylogenetic analysis shows that Bacteria and Archaea are separated into two groups, which supports Carl Woese's "three kingdoms" theory.

Key words: [phylogenetic tree](#) [kingdoms](#) [similarity](#) [distance](#) [DNA sequences](#) [statistical method](#)

收稿日期: 2001-12-03;

基金资助: 973(非线性科学)的部分资助项目

引用本文:

汪浩. 统计方法求系统树[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2002, 24(3): 199-201.

WANG Hao. Phylogenetic analysis with a statistical method[J]. , 2002, 24(3): 199-201.

没有本文参考文献

没有找到本文相关文章

#### 服务

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [E-mail Alert](#)
- ▶ [RSS](#)

#### 作者相关文章

- ▶ [汪浩](#)

版权所有 © 《云南大学学报(自然科学版)》编辑部

编辑出版: 云南大学学报编辑部 (昆明市翠湖北路2号, 650091)

电话: 0871-5033829(传真) 5031498 5031662 E-mail: yndxxb@ynu.edu.cn yndxxb@163.com