

研究论文

基于ITS序列分析探讨杜鹃属映山红亚属的组间关系

高连明, 杨俊波, 张长芹, 李德铤

中国科学院昆明植物研究所生物多样性和生物地理开放实验室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2003-8-25 9:36:00 接受日期

摘要 以叶状苞亚属的叶状苞杜鹃为外类群, 对杜鹃属映山红亚属(subg. Tsutsusi) 2组12种杜鹃和羊躑躅亚属(subg. Pentanthera) 3组4种杜鹃的ITS区(包括5.8S rDNA)的序列进行了系统学分析。3个亚属的ITS区序列长度范围为642-645bp。排序后ITS区的序列长度为653个位点, gap做缺失处理时, 变异位点和信息位点分别占6.58%和3.68%。运用PAUP4.0软件分析, 获得15个最简约树, 步长为75, 一致性指数(CI)和维持性指数(RI)值分别为0.9333和0.9515, 利用15个最简约树获取严格一致树, 结果表明: (1)映山红亚属为一单系类群, 其内部支持率为81%; (2)不支持将R. tashiroi独立成假映山红组, 也不支持将R. tashiroi并入映山红组, 而支持将R. tashiroi并入轮生叶组中的观点; (3)支持将R. tsusiophyllum并入映山红组中的观点; (4)大字杜鹃的系统位置还需进一步的研究。

关键词 [杜鹃属](#) [ITS](#) [系统发育](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 高连明; 杨俊波; 张长芹; 李德铤

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (264KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“杜鹃属”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [高连明](#)
- [杨俊波](#)
- [张长芹](#)
- [李德铤](#)