

研究论文

基于16 S rRNA序列的角蟾科部分属间系统关系

郑渝池,莫邦辉,刘志君,曾晓茂

中国科学院成都生物研究所,四川 成都 610041

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 采用最大似然法(ML法)、最大简约法(MP法)、邻接法(NJ法)对来自角蟾科Megophryidae (Anura)8属17种及外群2种共25条400 bp左右的线粒体16 S rRNA序列进行系统发育关系分析。结果表明,用于分析的所有角蟾科物种形成两大支,第一支包括Megophrys, Brachytarsophrys和Atympanophrys,第二支包括Leptobrachium, Leptolalax, Scutigera, Oreolalax和Vibrissaphora。支持将角蟾科划分为两大类群,即第一支属于Megophryini族,第二支属于Leptobrachiini族。根据分子钟模型初步推测两类群间的分歧时间大致为14.2—18.7百万年前。在Megophryini族中,基因树的拓扑结构不支持Atympanophrys建立后的Megophrys为单系;而在Leptobrachiini族中,Leptolalax为一有效属,其系统发生较早。

关键词 [角蟾科](#) [16 S rRNA](#) [系统发育](#) [拓扑结构](#)

分类号 [Q959.53: Q951.3](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [郑渝池](#); [莫邦辉](#); [刘志君](#); [曾晓茂](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (402KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (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“角蟾科”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [郑渝池](#)
- [莫邦辉](#)
- [刘志君](#)
- [曾晓茂](#)