

昆明植物所建立叶绿体基因组遗传信息获取技术体系

文章来源：昆明植物研究所

发布时间：2014-08-19

【字号：小 中 大】

在分子生物学和基因组时代，叶绿体基因组为植物分类、系统发育和物种鉴定等提供了不可或缺的遗传信息。随着新一代测序技术的快速发展，叶绿体基因组学已经成为植物系统基因组学和超级条形码研究的热点，也是中国科学院昆明植物研究所三个重大突破目标——iFlora 研究的重要内容。

昆明植物所种质资源库多年来致力于叶绿体基因组学研究。2012年研究所启动iFlora研究工作以来，该库分子生物学实验中心与分子植物地理学组等通力合作，利用二代测序技术研究了兰属和山茶属的叶绿体比较基因组学。在此基础上，利用GenBank现有被子植物叶绿体基因组数据自主设计了一套新颖的通用引物，结合长片段PCR和二代测序技术，从少量总DNA中快速获取被子植物叶绿体基因组。这一技术体系解决了叶绿体基因组获取方法需要大量新鲜材料的难题，显著节省了研究材料采集所需的人力，尤其是解决了一些物种因个体微小而难于获得大量新鲜材料通过二代测序方法获取叶绿体基因组的难题。该体系将叶绿体基因组测序通量提高了5-10倍，极大地降低了测序成本，为被子植物叶绿体基因组学研究开辟了崭新的途径。该项研究进一步揭示基于叶绿体基因组的系统发育基因组学是解决植物系统发育的有效手段，基于“细胞器条形码”的叶绿体基因组超级条形码对于解决快速分化的近缘物种鉴定具有重要作用。相关研究结果相继发表在*BMC Evolutionary Biology*、*PLoS ONE* 和 *Molecular Ecology Resources* 上。

该研究得到了国家“863”计划（2012AA021801）、国家自然科学基金项目（31170182，30870169，31161140350，31260487）、中国科学院仪器设备功能开发技术创新项目实施方案项目、中国科学院大科学装置开放研究项目（2009-LSFGBOWS-01）和云南省自然科学基金项目（2010CD108）的支持。

论文链接：[1](#) [2](#) [3](#)

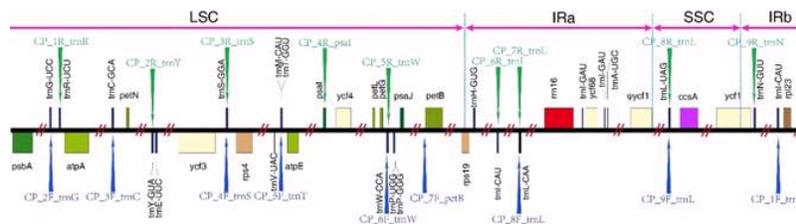
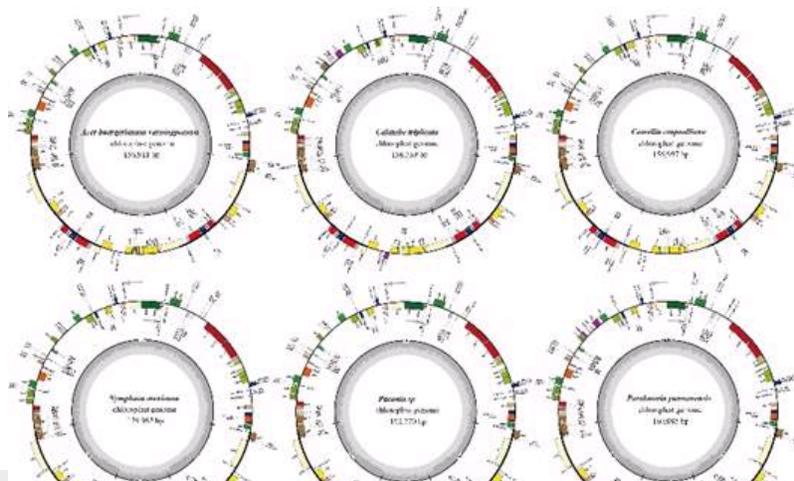


图1. 被子植物叶绿体基因组扩增通用引物分布图



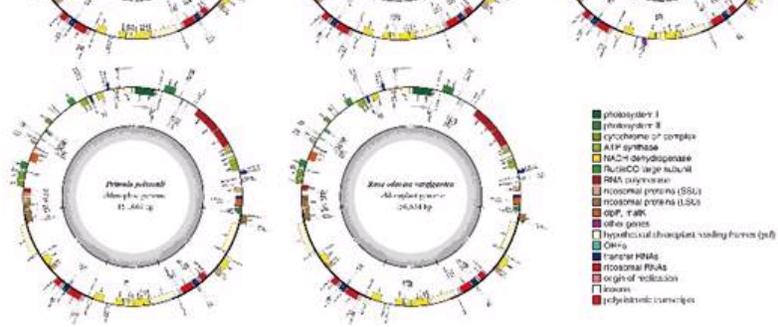


图2. 利用通用引物快速获取并测序的部分被子植物叶绿体基因组

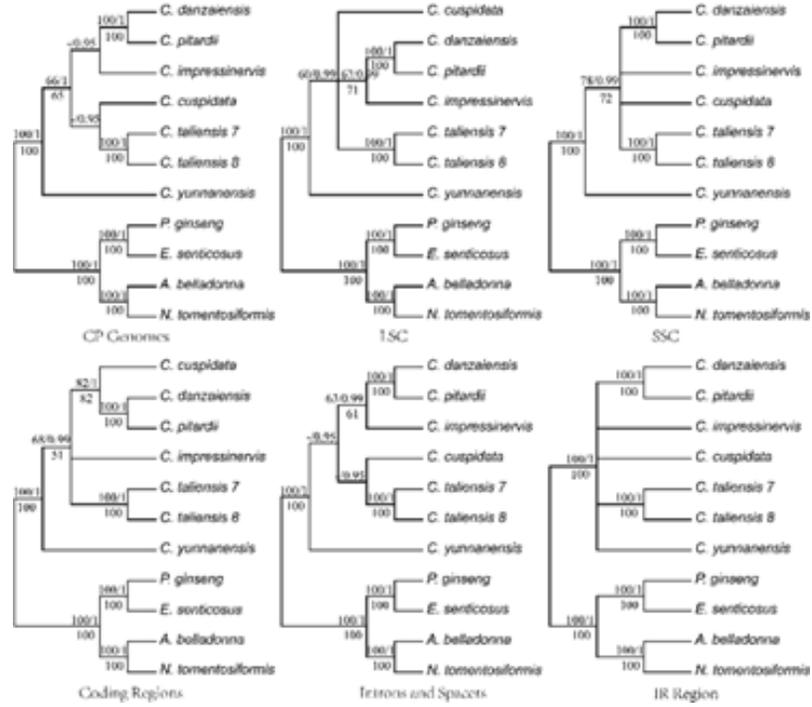
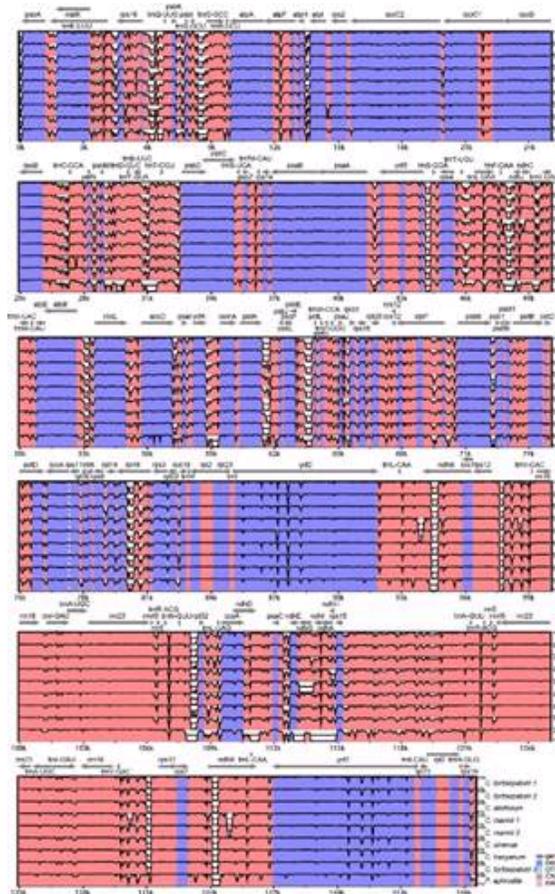


图3. 山茶属部分种叶绿体基因组学系统发育研究



打印本页

关闭本页