

昆明植物所探索解决温带木本竹子系统发育关系的SNP标记

文章来源：昆明植物研究所

发布时间：2013-08-15

【字号：小 中 大】

温带竹子支系(the temperate bamboo clade)包括23-32属，约600种，分布于东亚地区（特别是喜马拉雅）、东南亚部分地区、印度南部和斯里兰卡、非洲和马达加斯加以及北美洲东部的温带低海拔地区和热带或亚热带高山。东亚有该支系约500种，是其多样化中心，其中中国西南特有种就有约180种。温带竹子支系在分子系统学研究中被证明是一个单系类群，但类群内部之间的关系尚未得到很好的澄清。已有的研究表明，基于叶绿体片段和核基因联合片段分析，甚至叶绿体全基因组测序结果，都难以很好地解决温带木本竹子支系的内部关系问题。

最近，中国科学院昆明植物研究所郭振华研究组、李德铎研究组利用一种简化基因组测序的方法即RAD (restriction-site-associated DNA) 测序方法，在全基因组水平开发大量的SNPs标记，并初步验证了其在温带木本竹子系统发育分析中的应用。研究人员选择了两种竹子，冷箭竹(*Arundinaria faberi*)及短锥玉山竹(*Yushania brevipaniculata*)分别位于四川卧龙及峨眉山各2个居群作为研究对象。采用RAD测序方法，4个居群均得到2.3G左右的数据量，约27M reads。研究人员在4个居群中得到共享的标签数目为29,443，总长度为2,129,079 bp，其中有13,650个位点为种间固定的(fixed between species) SNPs。在冷箭竹的2个居群中，共发现有3,055个SNPs (fixed between populations)。在短锥玉山竹中，共发现有3,095个这样的SNPs。此外，研究人员基于以上共享标签构建了系统发育树，MP分析、ML分析及BI分析均产生了拓扑结构一致的系统树。在该系统树中，冷箭竹的2个居群聚为一支且得到了100%的支持率。为进一步检验RAD测序在温带木本竹子系统发育树构建中数据利用的效率，研究人员设置了不同大小的矩阵来构建系统发育树，观察多少数据量可以满足准确构建系统发育树的要求。结果表明，当采用全部数据量的千分之一，即仅利用29个标签来构建系统发育树时，已可以得到与利用29,443个标签构建系统发育树相同的结果。

本文的研究结果为解决温带木本竹子系统发育关系问题提供了新的研究思路。验证了基于RAD测序开发SNPs分子标记的方法可以有效解决温带木本竹子系统发育关系中信息位点不足的问题。

上述研究结果以*Identification of SNP markers for inferring phylogeny in temperate bamboos (Poaceae: Bambusoideae) using RAD sequencing*为题发表于*Molecular Ecology Resources*上。

该研究得到了中国科学院知识创新工程项目“百人计划”(KSCX2-YW-N-067)、国家自然科学基金项目(30990244)、NSFC-云南省联合基金项目(U1136603)、教育部留学回国人员科研启动基金和云南省中青年学术和技术带头人基金(2008PY065)的支持。

[论文链接](#)

图1 种间及居群间固定的SNPs

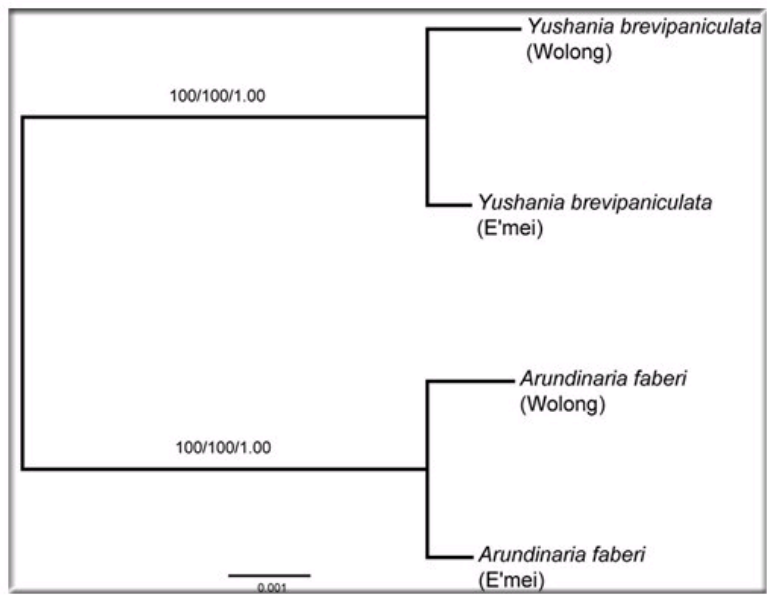


图2 基于RAD数据的贝叶斯50%主要规则一致树，分支上的数字分别MPBS/MLBS/PP

打印本页

关闭本页