



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



版纳植物园叶绿体比较基因组学研究取得进展

文章来源: 西双版纳热带植物园 发布时间: 2018-04-02 【字号: 小 中 大】

我要分享

樟科油丹属树种木材质优, 国际市场上的商品名为“medang”, 和楠木树种的亲缘关系较近。以往的分子系统学研究表明油丹属为复系类群, 但与润楠属、鳄梨属和楠属等的系统关系尚不明晰。

近日, 中国科学院西双版纳热带植物园生物多样性研究组以分布于印度南部的油丹模式种 *Alseodaphne semecarpifolia* Nees 和分布于我国云南的极危种细梗油丹 (*A. gracilis* Kosterm)、黄连山油丹 (*A. huanglianshanensis* H. W. Li & Y. M. Shui) 为实验材料, 通过二代测序技术完成了叶绿体基因组全覆盖测序。

通过比对发现, 樟科油丹属植物的叶绿体基因组大小约为153kb, 比近缘属润楠属、鳄梨属及楠属植物的叶绿体基因组大, 比土楠属植物的叶绿体基因组小。差异主要源自连接单拷贝区和反向重复区的两个基因 *ycf1* 和 *ycf2*。两基因的长度变化造就了反向重复区的缩减和扩张, 直接影响叶绿体基因组的大小。在油丹的整个叶绿体基因组上, 聚集突变位点最多的区域分别是 *trnG-UCC*、*ndhF-rp132*、*rp132-trnL* 和 *ycf1*, 而传统系统分析序列上的突变位点则较为少见, 是先前用于樟科系统学研究的叶绿体基因片段在种属级别上缺乏分辨力的原因。利用叶绿体基因组序列构建的十二种樟科植物的系统进化树进一步确认了樟科内部由油丹属、楠属、鳄梨属和润楠属构成的单系属群。

相关研究成果以 Complete plastid genome sequences of threetropical *Alseodaphne* trees in the family Lauraceae 为题发表在 *Holzforschung* 上。该研究得到了中科院东南亚生物多样性研究中心和“西部之光”计划等的资助。

论文链接

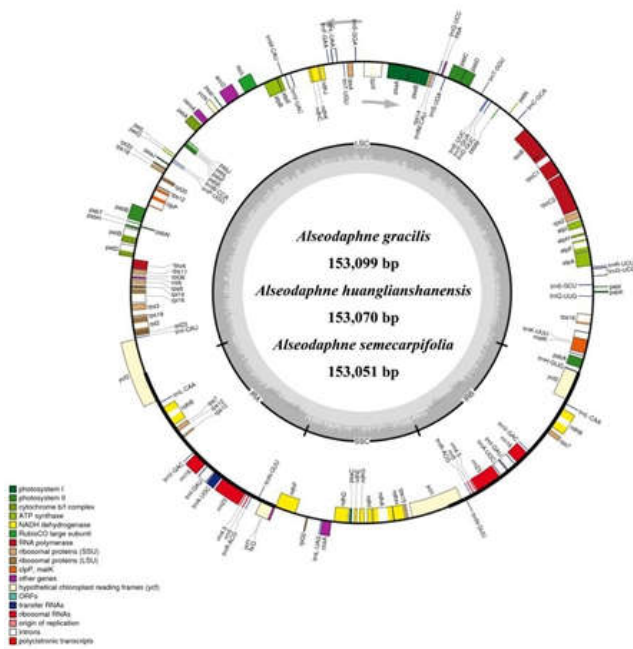


图1. 油丹属 (*Alseodaphne* Nees) 植物叶绿体基因组

热点新闻

国科大举行2018级新生开学典礼

中科院党组学习贯彻习近平总书记在全国... 中科院党组学习研讨药物研发和集成电路... 中国科大举行2018级本科生开学典礼 中科院“百人计划”“千人计划”青年项... 中国散裂中子源通过国家验收

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【中国纪录片】筑梦路上 (第三十集) ——创新驱动

专题推荐

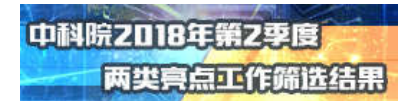




图2. 黄连山油丹 (*Alseodaphnehuanglianshanensis* H. W. Li & Y. M. Shui)。(刘冰 摄)

(责任编辑: 程博)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864