



版纳植物园开发出一项植物DNA短序列测序新技术

文章来源: 西双版纳热带植物园

发布时间: 2010-03-04

【字号: 小 中 大】

在以往的研究中,针对短测序片段(short read sequence, SRS)进行的比较基因组分析多数都需有事先组装好的DNA序列作为参照,这一定程度上制约了这类数据在生物信息学研究的发展。近期,版纳植物园生态进化组的Cannon教授和其组员发明了一种新的研究方法,该方法不用事先组装,通过分析检测数据中达到某种“复杂度”的基因片段是否存在及其出现频次,来探讨一定数量目标基因组中的序列差异。该研究成果发表在分子生态学领域顶级刊物*MOLECULAR ECOLOGY*上。

Cannon教授等的研究比较了九个树种从种群到科一级的基因组多样性的海量数据,并利用已知的3个树种的基因组数据作为对照,探知测序反应中数据的质量和分布偏差。该方法定义了3类主要的富含生物信息的复杂DNA片段,其中每一类都具有其特殊的统计属性。第一类复杂片段为某一基因组所特有但假阳性的概率很高,高度依赖于测序覆盖度和分布情况;第二类复杂片段为两个基因组所共有并能显示其潜在的拷贝数差异;第三类复杂片段为某一些基因组所共有,与物种的形态和地理差异相联系。由于该方法不需事先组装,即可分析海量数据,极大的推进了短序列测序技术在非模式生物上的应用,并为更为进一步的基因组组装和细致研究直接筛选出最有效的遗传部件提供新的途径。该研究中也展示了该技术的实际应用前景,例如,我们可为一种濒危木材树种找到大量的种群水平上的遗传标记,从而可以界定木材个体的来源,规范国际木材交易。

新一代DNA测序技术的突破为研究热带森林的生态和进化提供了一个新的平台,Cannon教授等的研究是版纳植物园为把基因组学应用在植物功能适应进化与气候变化、物种多样化和共存、以及极度濒危的亚洲热带森林自然资源保护诸方面所迈出的重要一步。

Cannon教授现为版纳植物园全职研究员(从2007年7月开始),博士生导师,长期在东南亚热带地区从事森林生态学研究,2009年纳入云南省高端人才计划。

打印本页

关闭本页