
山茶科木荷属超级条形码研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19378.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

准确的物种鉴定和划分是分类学与系统学的核心内容，也是植物资源利用/保护的重要基础和生物多样性研究的基石之一。在植物分类学家紧缺的背景下，DNA条形码应运而生，即利用较短的标准DNA片段对物种进行快速、准确鉴定的方法。在动物类群中，线粒体细胞色素c氧化酶亚基I (COI) 基因可实现对大部分类群的鉴定和识别，而植物类群中鲜有如此受到广泛认同的标准条形码片段。第五届国际生命条形码大会提出了探讨植物DNA条形码2.0的必要性，即从单个或少数DNA片段向利用大量DNA片段乃至细胞器基因组数据的发展趋势。超级条形码是通过新一代测序的办法获得叶绿体全基因组及核糖体DNA序列，用于近缘物种鉴定。然而，超级条形码除在少数类群中鉴定率可达100%，但在较多类群特别是近期分化和辐射演化的类群中的鉴定率并不理想，亟需结合更多研究实例以探讨超级条形码存在的问题与发展方向。

亚洲特有属木荷属 (Schima

) 隶属于APG系统的杜鹃花目山茶科 (Theaceae)，约20种，我国分布有13种。从区系角度看，该属为7-1型分布 (即爪哇、喜马拉雅和华东、华南至西南星散分布)，范围东起喜马拉雅山脉地区，经缅甸、我国南方各省、琉球群岛，向南可分布至中南半岛及马来群岛等地。木荷属植物多为高大乔木，是亚洲森林的重要代表类群，也是东亚亚热带常绿阔叶林的重要特征性成分。木荷属植物的木材还可供建筑、造船及家具制作，是颇具生态价值和经济价值的林木类群，因而对该属植物进行准确的物种鉴定具有重要的科学价值。然而，由于形态性状相似性及连续变异，仅基于形态性状对木荷属植物进行准确的物种鉴定较为困难。

近日，中国科学院昆明植物研究所东亚特征植物分类与系统演化专题攻关组与国内外学者合作，对来自中国

、尼泊尔和缅甸的12种

58份木荷属植物样品进行基因组浅层测序，获

得了rbcL+matK+trnH-psbA

叶绿体片段和ITS序列的传统DNA条形码数据以及叶绿体全基因组和核糖体DNA序列的超级DNA条形码数据。基于以上数据，研究利用距离法和建树法，对比分析了传统条形码与超级条形码在木荷属植物的鉴定效率。研究显示，基于rbcL+matK+trnH-psbA

叶绿体片段、ITS序列和核糖体DNA全长序列在木荷属中物种鉴定率为0%。叶绿体全基因组仅鉴定出3个物种 (小花木荷、钝齿木荷和贡山木荷独龙变种)，为目前已知的超级条形码最低的鉴定成功率 (27.27%)。复杂的演化历史如近期分化导致的遗传分化程度低、自然杂交或基因渐渗、不完全谱系分选等，或影响木荷属DNA条形码有效性；基于形态学特征的植物经典分类可能高估了木荷属的多样性，造成一定程度的过度物种划分。研究表明，超级条形码并不能幸免于由类群本身复杂的进化历史带来的挑战。科研人员呼吁基于新一代测序技术开发更多核基因条形码片段，用于木荷属及其他类似植物类群的物种鉴定及识别。

相关研究成果以Species discrimination in Schima(Theaceae): Next-generation super-barcodes meet evolutionary complexity为题，发表在MolecularEcology

Resources

上。研究工作得到国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项、中科院青年创新促进会等的支持，并得到中国西南野生生物种质资源库保藏中心和分子生物学实验平台、昆明植物所标本馆（KUN）等的协助。云南大学、九江学院、美国密西西比州立大学等的科研人员参与研究。

[论文链接](#)

基于叶绿体基因组利用最大似然法（ML）构建的木荷属植物系统发育树，分支的不同颜色代表ML树支持率，节点处黑色圆圈表示贝叶斯树（BI）支持率为1.00，物种名为紫红色的表示物种鉴定成功，物种名后的圆圈代表了物种的地理分布范围。

研究团队单位：昆明植物研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发