

---

# 造礁石珊瑚纯净基因组构建技术获突破

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/28181.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！*

造礁石珊瑚纯净基因组构建技术获突破。近日，南方海洋科学与工程广东省实验室（广州）魏辅文院士团队在珊瑚生物学研究方面取得重要进展，开发出珊瑚纯净基因组构建的新技术框架，克服了珊瑚基因组学研究中长期存在的复杂共生体污染问题，将助力珊瑚组学研究迈向新的高度。相关成果发表于《创新》（The Innovation）。

构建造礁石珊瑚纯净基因组的新技术框架。研究团队供图

研究团队聚焦造礁石珊瑚体内普遍存在的共生虫黄藻对基因组测序等组学研究带来的内源性污染的难题，通过整合实验优化与生物信息学分析手段，开发了针对性的技术框架，以利用珊瑚-虫黄藻共生体构建珊瑚纯净基因组。

---

该技术框架首先利用化学胁迫诱导珊瑚白化、珊瑚细胞密度梯度离心、流式细胞分选等多种实验方法获得不含虫黄藻污染的珊瑚细胞，并通过扩增子测序分析比较以上实验处理前后获得的珊瑚DNA样本的污染情况。结果证实，未经实验处理的珊瑚样本提取的DNA仅有20-70%来自珊瑚，其余均为虫黄藻等共生生物及其它寄生生物的污染，而采用该技术框架的三种实验方法均可获得纯度高达99%的珊瑚DNA，较实验处理前平均提升55%。

该团队进一步对鹿角珊瑚物种的三个样本进行了三代基因组测序，并开发了一套生物信息学流程，以确保在测序数据组装过程中的高效识别和污染剔除。该生信流程将有参和无参的方法相结合，不仅利用已发表的海量数据准确识别污染序列，还借助序列特征聚类来辅助判别污染序列。由此，团队成功构建了质量远高于已发表基因组的珊瑚纯净基因组。

该技术框架的建立突破了现有珊瑚基因组测序工作中依赖配子细胞的材料、资源及物种限制，仅利用珊瑚礁中随处可见的成体珊瑚即可获取可靠的珊瑚基因组信息，为推动大规模珊瑚基因组测序项目提供了重要的技术支撑。

该成果为研究团队在珊瑚生物学研究领域取得的系列进展之一。此前，该团队还在《中国科学：生命科学》发表了题为造礁石珊瑚演化发育生物学研究进展的综述文章，阐述了造礁石珊瑚中重要细胞类群、胚层和体轴、繁殖策略及其细胞内共生和生物矿化等关键性状的演化起源和发育调控机制等研究方向的重要进展与空缺，并提出了造礁石珊瑚演化发育研究未来值得重点关注的研究方向。

珊瑚基因组学和演化发育生物学的进步可以为珊瑚及珊瑚礁生态系统保护开辟了新的路径。清晰的遗传信息解析是珊瑚演化发育生物学研究的基础，不仅可以帮助我们高效理解珊瑚生物多样性及种群结构，解析珊瑚-虫黄藻-微生物复杂功能共生体的维持机制，揭示珊瑚白化的分子调控机制，从而制定更加精确和有效的保护策略，助力全球变化背景下的珊瑚及珊瑚礁生态系统保护。（来源：中国科学报朱汉斌 王思懿）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.xinn.2024.100643>

<https://doi.org/10.1360/SSV-2023-0163>

作者：魏辅文等 来源：《创新》

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](https://www.iikx.com)转发