
研究提出基于基因组浅层测序的维管植物物种鉴定新方案

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/41804.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！

研究提出基于基因组浅层测序的维管植物物种鉴定新方案。标准

DNA条形码凭借通用引物适配性强和测序成本低等优势，广泛应用于生物多样性保护与溯源等领域。针对近缘种、杂交频繁及

近期辐射演化的复杂类群，标准

DNA条形码因序列变异度有限，分辨率不足，难以满足精准鉴定的需求。尽管基因组浅层测序获取质体全基因组（超级条形码）的策略提升了部分困难类群的鉴别率，但质体基因组的单亲遗传特性使其在杂交渐渗类群分析中存在局限。

研究选取石松类、蕨类、裸子植物和被子植物代表性类群，覆盖32属、475种共1969份样本进行系统分析。结果表明，标准条形码仅能区分约49.3%的物种，组装质体全基因组可将鉴别率提升至57.6%。进一步应用浅层测序数据的k-mer分析，物种鉴别率显著提高至66.8%，较标准条形码整体提升17.5%。该技术流程兼容现有标准条形码数据库，可有效应对近缘种鉴定难题。研究还明确了基因组大小对k-mer分析的影响，对于基因组大小 $\leq 5\text{Gb}$ 的类群，在约0.5X测序深度下即可取得良好鉴定效果；对于基因组大小 $> 5\text{Gb}$ 的类群，需对测序数据进行均一化处理后再开展分析。

研究明确了利用基因组浅层测序可显著提升物种鉴定能力，为完善植物DNA条形码参考数据库、支撑全球生物多样性研究提供了可复制的解决方案。

相关研究成果发表在《新植物学家》（*New Phytologist*

）上。研究工作得到科技部科技基础资源调查专项、云南省“兴滇英才支持计划”青年人才专项以及中国科学院国际人才计划等的支持。

[论文链接](#)

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](https://www.iikx.com)转发