植物DNA条形码全面应用还有多远?

周世良 中国科学院植物研究所 系统与进化植物学国家重点实验室

报告提要

- 一、DNA条形码:植物材料鉴定必由之路
- 二、中国植物DNA条形码现状
- 三、建设一个高覆盖度的参考序列库
- 四、后DNA条形码时代

一、DNA条形码:植物材料鉴定必由之路

- 1. 技术层面:分类学家鉴定与DNA条形码鉴定,哪个更准确?
- 2. 经济层面:分类学家鉴定与DNA条形码鉴定,哪个更省钱?
- 3. 时间层面:分类学家鉴定与DNA条形码鉴定,哪个更快?

一、DNA条形码:植物材料鉴定必由之路

4. 副产品:

分类学家鉴定:无

DNA条形码鉴定:一套数据

- 5. 大量标本等着鉴定: 未鉴定+错误鉴定
- 6. 大量形态鉴定做不了的事

植物DNA条形码:

- ITS
- matK, rbcL, trnH-psbA, trnL-F, ycf1
- 类群专一DNA条形码

| 类别 | 物种数 |
|-------|-------|
| 石松+蕨类 | 2278 |
| 裸子植物 | 207 |
| 被子植物 | 29611 |
| 合计 | 32096 |

| 类别 | 物种数 | ITS |
|-------|-------|---------|
| 石松+蕨类 | 2278 | 4. 52% |
| 裸子植物 | 207 | 99. 52% |
| 被子植物 | 29611 | 41. 78% |
| 合计 | 32096 | 39.65% |

| 类别 | 物种数 | matK |
|-------|-------|---------|
| 石松+蕨类 | 2278 | 14. 44% |
| 裸子植物 | 207 | 96. 13% |
| 被子植物 | 29611 | 29. 25% |
| 合计 | 32096 | 28.63% |

| 类别 | 物种数 | rbcL |
|-------|-------|---------|
| 石松+蕨类 | 2278 | 40.04% |
| 裸子植物 | 207 | 92.75% |
| 被子植物 | 29611 | 27.82% |
| 合计 | 32096 | 29. 11% |

| 类别 | 物种数 | trnL-F |
|-------|-------|--------|
| 石松+蕨类 | 2278 | 8. 17% |
| 裸子植物 | 207 | 5.80% |
| 被子植物 | 29611 | 6. 01% |
| 合计 | 32096 | 6. 24% |

| 类别 | 物种数 | trnH-psbA |
|-------|-------|-----------|
| 石松+蕨类 | 2278 | 2. 11% |
| 裸子植物 | 207 | 30. 43% |
| 被子植物 | 29611 | 6.05% |
| 合计 | 32096 | 5. 92% |

- 1. 十二五: 成绩与教训
- 2. 十三五: 误入歧途
- 3. 现有数据错误率: 5~8%(20%~30%?)
- 4. 数据管理: 如何管理?

- 5. 如何建设一个有用的数据库?
- ▶材料:依赖标本馆、植物园、自然保护区
- ▶资金: 国家/行业/企业
- ▶技术: 常规测序/高通量测序平台
- ▶数据库管理: 专业人才



"中国植物DNA库"保存维管植物DNA材料202384份,覆盖448科,6435属,48974种(不含种下等级)。其中,中国产DNA材料151860份,包含331科,3842属,27210种,覆盖中国已知维管植物物种的84.78%。



DNA提取: 2小时96个样品

PCR: 2小时2.5万个反应

没有限制



需要多少钱?

面临的挑战:

- ▶物种问题:正向真正的物种迈进的"物种"
- ▶开发类群专一的高分辨率DNA条形码
- ▶清除错误序列
- ▶识别杂交种
- ▶识别协调进化不完全序列、不完全谱系分选现象

四、后DNA条形码时代

- 1. 生物多样性大发现: 物种、基因
- 2. 生物大数据: 标本全面评估、纠正错误
- 3. 环境监测: 生物指标
- 4. 植物物证的广泛使用
- 5. 超级条形码: 基因组

