



湖北农业科学  
Hubei Agricultural Sciences  
ISSN 0439-8114, CN 42-1255/S

## 《湖北农业科学》网络首发论文

题目： 基于叶绿体基因组的八角枫属及近缘属植物系统发育分析  
作者： 杨玉霞，李静婷，李颖，苏晨，闫睿，魏泽昶  
收稿日期： 2024-01-09  
网络首发日期： 2024-12-02  
引用格式： 杨玉霞，李静婷，李颖，苏晨，闫睿，魏泽昶. 基于叶绿体基因组的八角枫属及近缘属植物系统发育分析[J/OL]. 湖北农业科学.  
<https://link.cnki.net/urlid/42.1255.S.20241129.1356.002>



**网络首发：**在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

**出版确认：**纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

杨玉霞,李静婷,李颖,等.基于叶绿体基因组的八角枫属及近缘属植物系统发育分析[J].湖北农业科学,2025,64(1).

# 基于叶绿体基因组的八角枫属及近缘属植物系统发育分析

杨玉霞<sup>1</sup>,李静婷<sup>1</sup>,李颖<sup>1</sup>,苏晨<sup>2,3</sup>,闫睿<sup>1</sup>,魏泽昶<sup>1</sup>

(1. 兰州交通大学生物与制药工程学院,兰州 730070;2. 平顶山学院河南省生态经济型木本植物种质创新与利用重点实验室,河南 平顶山 467000;3. 首都师范大学资源环境与旅游学院,北京 100048)

**摘要:**为明确八角枫(*Alangium chinense* (Lour.) Harms)叶绿体基因组的结构特点及系统发育关系,通过 Illumina 高通量测序技术对八角枫叶绿体基因组进行测序,并进行组装、注释和结构分析。利用 mVISTA 和 Geneious 软件对八角枫、毛八角枫、高山八角枫、八角枫 MG524996 和八角枫 NC044840 叶绿体基因组进行同源比对和共线性分析,采用 MEGA 11 软件构建植物系统发育树。结果表明,八角枫完整的叶绿体基因组全长 156 672 bp,呈双链环状结构,GC 占 37.69%;叶绿体基因组共有 130 个编码基因,包括 81 个蛋白质编码基因(PCGs)、38 个 tRNA 转运基因、8 个 rRNA 基因和 3 个假基因,其在叶绿体基因组序列中占比分别为 62.31%、29.23%、6.15% 和 2.31%。同源比对和共线性分析发现,5 种植物(八角枫、其他 4 种八角枫属植物)叶绿体基因组间具有高度相似性和共线性。系统发育分析表明,八角枫与高山八角枫亲缘关系最为接近,暗示他们在进化上具有共线性,推测本研究中八角枫为新亚种。

**关键词:**叶绿体基因组;八角枫属;近缘属植物;系统发育

中图分类号:R931

文献标识码:A



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

## Analysis of systemic development in the genus *Alangium chinense* and its related genera plants based on chloroplast genome

YANG Yu-xia<sup>1</sup>, LI Jing-ting<sup>1</sup>, LI Ying<sup>1</sup>, SU Chen<sup>2,3</sup>, YAN Rui<sup>1</sup>, WEI Ze-chang<sup>1</sup>

(1. College of Biological and Pharmaceutical Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China;

2. Henan Key Laboratory of Eco-economic Woody Plant Germplasm Innovation and Utilization, Pingdingshan University, Pingdingshan 467000,

Henan, China; 3. College of Resource Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China)

**Abstract:** In order to clarify the structural characteristics and phylogenetic relationships of the chloroplast genome of *Alangium chinense* (Lour.) Harms, Illumina high-throughput sequencing technology was used to sequence the chloroplast genome of *Alangium chinense*, followed by assembly, release, and structural analysis. Using mVISTA and Geneious software, homologous alignment and collinearity analysis were performed on the chloroplast genome of *Alangium chinense*, *Alangium kurzii* Craib, *Alangium alpinum*, *Alangium chinense* MG524996, and *Alangium chinense* NC044840. A plant phylogenetic tree was constructed using MEGA 11 software. The results showed that the complete chloroplast genome of *Alangium chinense* was 156 672 bp in length, with a double stranded circular structure and a GC proportion of 37.69%; the chloroplast genome consists of 130 coding genes, including 81 protein coding genes (PCGs), 38 tRNA transport genes, 8 rRNA genes, and 3 pseudogenes, accounting for 62.31%, 29.23%, 6.15%, and 2.31% of the chloroplast genome sequence, respectively. Through homology comparison and collinearity analysis, it was found that chloroplast genome of five plants (*Alangium chinense* and four other plants in the *Alangium chinense* genus) exhibited high similarity and collinearity. Phylogenetic analysis indicated that *Alangium chinense* was most closely related *Alangium alpinum*, suggesting their collinearity in evolution. It was speculated that *Alangium chinense* was a new subspecies in this study.

**Key words:** chloroplast genome; *Alangium chinense* genus; related genera plants; systemic development

收稿日期:2024-01-09

基金项目:国家自然科学基金项目(32360484);河南省高等学校重点科研项目(22B210008);大学生创新创业训练计划项目(CXXL20230184)

作者简介:杨玉霞(2000-),女,甘肃徽县人,在读硕士研究生,研究方向为药用植物基因组与功能基因组学,(电子信箱)

3250740174@qq.com;通信作者,李静婷(1983-),女,内蒙古包头人,副教授,博士,主要从事功能基因组学研究,(电子信箱)jingting\_lee@163.com。

叶绿体是一种半自主细胞器,具有遗传信息的表达系统,其染色体不受核基因的影响,主要由母系遗传决定<sup>[1]</sup>。高等植物的叶绿体DNA是一种具有双链式的封闭环形结构,其长度随着物种的不同而变化,它是继核基因之后的第二大基因组。由于其遗传信息丰富、分子量低、结构简单、进化速率适中、突变率低、遗传稳定性好,常用于物种鉴定、物种演化、物种亲本分析、分子系谱地理<sup>[2]</sup>推断、物种来源等方面的研究<sup>[3]</sup>。此外,叶绿体基因组信息还被广泛用于不同种类植物的基因组学和植物系统发育方面研究<sup>[4]</sup>。

大多数植物叶绿体基因组都具有很强的保守性。全叶绿体基因组测序显示,叶绿体基因组包含倒位重复区(IRA和IRB)、小单拷贝(SSC)和大单拷贝(LSC)<sup>[5,6]</sup>。在漫长的演化中,叶绿体的基因结构会出现某些变异<sup>[7]</sup>,如DNA片段的重叠和倒位等,然而并非全部的叶绿体都包含IR,例如少量的低等植物裸藻没有IR,豌豆则没有IR和DR,并且rRNA仅有1个拷贝<sup>[8]</sup>。

八角枫(*Alangium chinense* (Lour.) Harms)为八角枫科八角枫属植物,是贵州的一种特色植物以及常用的苗药,具有祛风除湿、舒筋活络、散瘀止痛等功效。有着较好的抗炎镇痛药理活性,在涉及炎症等疾病的治疗中有较好的发展前景和应用价值<sup>[9]</sup>。

本研究采用Illumina Hiseq 2000高通量测序技术,完成该物种叶绿体基因组测序、拼接和注释以及基因组重复序列的结构分析和物理图谱绘制,并构建八角枫属及近缘种属的系统进化树。旨在进一步了解八角枫的叶绿体基因结构,为八角枫属新物种的鉴定、种质资源的保护、药用价值、系统进化、功能基因分析等方面提供分子基础资料<sup>[10]</sup>。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

八角枫样本取自湖北省随州市广水市大贵寺国家级森林公园的三潭风景区(海拔908 m, 31°45'01"N, 113°46'33"E)。

### 1.2 叶绿体基因组测序及拼接

DNA样本在北京源宜基因科技股份有限公司检测,使用Illumina Hiseq 2000高通量测序平台进行双端测序。首先使用SOAPdenovo 2.01<sup>[11]</sup>组装序列,然后将组装好的长序列与近缘物种的叶绿体参考基因组进行比较,利用BLAT36程序<sup>[12]</sup>确定等位基因序列之间的相对位置。根据等位基因的相对位置进行拼接,纠正装配错误,从而获得叶绿体基因组的全尺寸框架图。使用GapCloser 1.12程序用高质量的

短序列填补等位基因序列中的空白,通过单端测序完成和确认剩余的空白和可疑区域,从而获得最终的叶绿体基因组序列。

### 1.3 叶绿体基因组序列注释、提交和物理图谱绘制

先用CpGAVAS<sup>[13]</sup>对八角枫叶绿体基因组进行主要注释,再使用DOGMA<sup>[14]</sup>(<http://dogma.ccbb.utexas.edu/>)进行辅助注释。根据注释结果使用Organellar Genome DRAW<sup>[15]</sup>(<https://chlorobox.mpimp-golm.mpg.de/OGDraw.html>)绘制叶绿体基因组图谱。

### 1.4 叶绿体基因组重复序列分析

使用REPuter分析八角枫的长重复序列,Hamming distance、Maximum computed P repeats、Minimal repeat size的参数分别设置为3、5 000、30<sup>[16]</sup>。使用MISA<sup>[17]</sup>对叶绿体基因组中的单序列重复序列(SSR)进行分析,阈值和核苷酸参数分别设置为1、2、3、4、5、6、8、4、4、3、3和3,最小SSR间距为100 bp。

### 1.5 八角枫属种间叶绿体基因组同源比对及共线性分析

从NCBI数据库中获取八角枫属4种植物(表1)的叶绿体基因组序列,与八角枫进行基因组同源比对。首先利用在线工具CPGAVAS2对八角枫的叶绿体基因组序列进行注释,然后利用mVISTA在线软件进行同源比对,选择Shuffle-LAGAN(全局比对)模式,以八角枫为参考基因组,将叶绿体基因组序列(fasta格式)及注释文件上传进行比对。

表1 八角枫属4种植物的信息

品种名	拉丁名	登录号
毛八角枫(MB)	<i>Alangium kurzii</i> Craib	MZ680502
高山八角枫(GS)	<i>Alangium alpinum</i>	MG525003
八角枫NC044840(XH)	<i>Alangium chinense</i> isolate S11216	NC044840
八角枫MG524996(GM)	<i>Alangium chinense</i> subsp. <i>triangularis</i>	MG524996

利用Geneious 2023.2.1软件基于Mauve多重基因组比对法将八角枫与从NCBI数据库中获取的4种八角枫属植物叶绿体基因组进行共线性分析。

### 1.6 系统进化分析

采用MEGA 11软件,选取与八角枫科亲缘关系较相近的蓝果树科、桃金娘科、菱角科、瑞香科、胡颓子科等26种植物,使用邻接法构建系统发育树。

## 2 结果与分析

### 2.1 叶绿体基因组测序、组装、注释

八角枫叶绿体基因组测序原始数据为1.854 G,

raw reads 为 12.280 M, 过滤后得到 1.501 G (占 80.9%) 有效数据和 10.220 M (占 83.2%) 的 clean reads, 这些 reads 平均长度为 146.8 bp。其基因组为 156 672 bp 的双链环状结构, 包括一个 IR (25 950 bp, IRA 和 IRB)、一个 SSC (18 593 bp) 和一个 LSC (87 179 bp) (图 1)。

八角枫叶绿体基因组中共有 130 个编码基因, 其中含有 81 个蛋白编码基因 (PCGs), 在叶绿体所有基因序列中占 62.31%, 其次, 有 38 个 tRNA 转运基因 (29.23%)、8 个 rRNA 基因 (6.15%) 和 3 个假基因 (2.31%)。

### 2.2 八角枫叶绿体基因组功能及分类

根据基因功能不同将八角枫叶绿体基因分为遗传系统基因、光合作用基因、功能未知基因和其他基因。每种功能有着不同的基因, 这些基因大部分与生物合成有关。在这些基因中发现了 9 个 PCG 基因

(*rps12*, *rps7*, *rpl2*, *rpl23*, *ndhB*, *ycf2*, *ycf68*, *ycf15*, *ycf1*), 8 个 tRNA 基因 (*trnH-GUG*, *trnI-CAU*, *trnL-CAA*, *trnI-GAU*, *trnV-GAC*, *trnA-UGC*, *trnR-ACG*, *trnN-GUU*), 4 个 rRNA 基因 (*rrn4.5*, *rrn5*, *rrn16*, *rrn23*) 位于 IR 区 (表 2)。

### 2.3 叶绿体基因组重复序列分析

利用 REPuter 分析八角枫的长重复序列, 发现其含有正向重复序列 (Forward repeats sequence, FR)、反向重复序列 (Reverse repeats sequence, RR) 及回文重复序列 (Palindrome repeats sequence, PR)。八角枫叶绿体的基因组共鉴定到 64 个长重复序列, 其中正向重复序列有 30 个 (30~35 bp 有 15 个, 36~41 bp 有 4 个, 42~47 bp 有 5 个, 54~59 bp 有 2 个, 60~65 bp 有 4 个); 反向重复序列有 2 个 (30~395 bp); 回文重复序列有 32 个 (30~4 349 bp 有 31 个, 21 631~25 950 bp 有 1 个)。

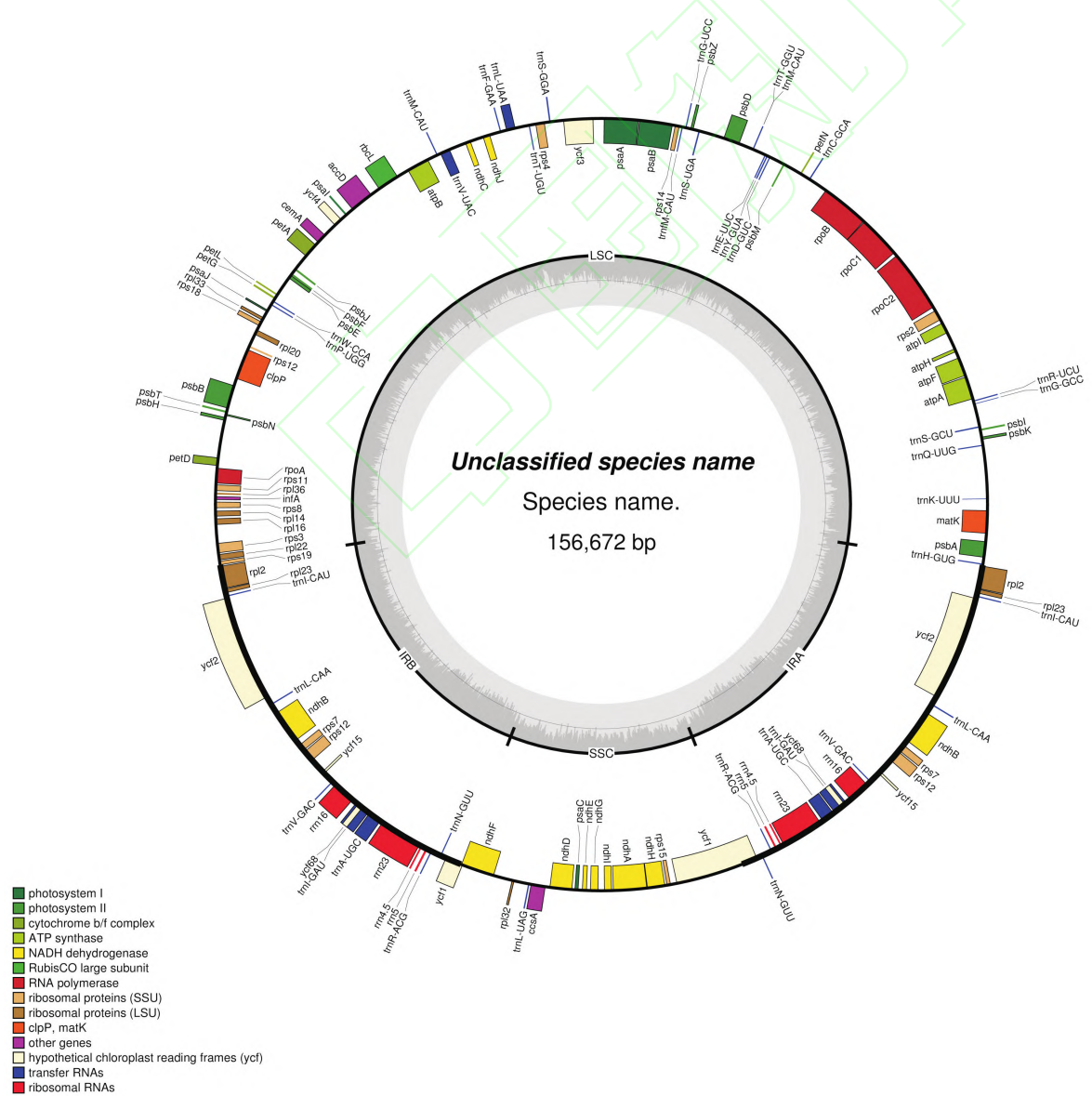


图 1 八角枫的叶绿体基因组图谱

表2 基因的功能和种类

功能	名称	基因	基因列表
	核糖体的小亚基	<i>rps</i>	<i>rps12</i> 、 <i>rps2</i> 、 <i>rps14</i> 、 <i>rps4</i> 、 <i>rps18</i> 、 <i>rps12</i> 、 <i>rps11</i> 、 <i>rps8</i> 、 <i>rps3</i> 、 <i>rps19</i> 、 <i>rps7</i> 、 <i>rps15</i> 、 <i>rps7</i>
	rRNA 基因	<i>rrn</i>	<i>rrn16</i> 、 <i>rrn23</i> 、 <i>rrn4.5</i> 、 <i>rrn5</i> 、 <i>rrn5</i> 、 <i>rrn4.5</i> 、 <i>rrn23</i> 、 <i>rrn16</i>
	核糖体的大亚基	<i>rpl</i>	<i>rpl33</i> 、 <i>rpl20</i> 、 <i>rpl36</i> 、 <i>rpl14</i> 、 <i>rpl16</i> 、 <i>rpl22</i> 、 <i>rpl2</i> 、 <i>rpl23</i> 、 <i>rpl32</i> 、 <i>rpl23</i> 、 <i>rpl2</i>
	DNA 依赖的 RNA 聚合酶	<i>rpo</i>	<i>rpoC2</i> 、 <i>rpoC1(pseudogene)</i> 、 <i>rpoB</i> 、 <i>rpoA</i>
遗传系统基因			<i>trnH-GUG</i> 、 <i>trnK-UUU</i> 、 <i>trnQ-UUG</i> 、 <i>trnS-GCU</i> 、 <i>trnG-GCC</i> 、 <i>trnR-UCU</i> 、 <i>trnC-GCA</i> 、 <i>trnD-GUC</i> 、 <i>trnY-GUA</i> 、 <i>trnE-UUC</i> 、 <i>trnT-GGU</i> 、 <i>trnM-CAU</i> 、 <i>trnS-UGA</i> 、 <i>trnG-UCC</i> 、 <i>trnM-CAU</i> 、 <i>trnS-GGA</i> 、 <i>trnT-UGU</i> 、 <i>trnL-UAA</i> 、 <i>trnF-GAA</i> 、 <i>trnV-UAC</i> 、 <i>trnM-CAU</i> 、 <i>trnW-CCA</i> 、 <i>trnP-UGG</i> 、 <i>trnI-CAU</i> 、 <i>trnL-CAA</i> 、 <i>trnV-GAC</i> 、 <i>trnI-GAU</i> 、 <i>trnA-UGC</i> 、 <i>trnR-ACG</i> 、 <i>trnN-GUU</i> 、 <i>trnL-UAC</i> 、 <i>trnN-GUU</i> 、 <i>trnR-ACG</i> 、 <i>trnA-UGC</i> 、 <i>trnI-GAU</i> 、 <i>trnV-GAC</i> 、 <i>trnL-CAA</i> 、 <i>trnI-CAU</i>
	tRNA 基因	<i>trn</i>	
	ATP 合酶亚基	<i>atp</i>	<i>atpA</i> 、 <i>atpF(pseudogene)</i> 、 <i>atpH</i> 、 <i>atpI</i> 、 <i>atpB</i>
	NADH-脱氢酶的亚基	<i>ndh</i>	<i>ndhJ</i> 、 <i>ndhC</i> 、 <i>ndhB</i> 、 <i>ndhF</i> 、 <i>ndhD</i> 、 <i>ndhE</i> 、 <i>ndhG</i> 、 <i>ndhI</i> 、 <i>ndhA</i> 、 <i>ndhH</i> 、 <i>ndhB</i>
	细胞色素 b <sub>L</sub> 复合物的亚基	<i>pet</i>	<i>petN</i> 、 <i>petA</i> 、 <i>petL</i> 、 <i>petG</i> 、 <i>petD</i>
光合作用基因	光系统 I 的亚基	<i>psa</i>	<i>psaB</i> 、 <i>psaA</i> 、 <i>psaI</i> 、 <i>psaJ</i> 、 <i>psaC</i>
	光系统 II 的亚基	<i>psb</i>	<i>psbA</i> 、 <i>psbK</i> 、 <i>psbI</i> 、 <i>psbM</i> 、 <i>psbD</i> 、 <i>psbZ</i> 、 <i>psbJ</i> 、 <i>psbF</i> 、 <i>psbE</i> 、 <i>psbB</i> 、 <i>psbT</i> 、 <i>psbN</i> 、 <i>psbH</i>
	Rubisco 的亚基	<i>rbc</i>	<i>rbcL</i>
	保存开放阅读框	<i>ycf</i>	<i>ycf3</i> 、 <i>ycf4</i> 、 <i>ycf2</i> 、 <i>ycf15(pseudogene)</i> 、 <i>ycf15(pseudogene)</i> 、 <i>ycf2</i>
未知功能基因	保存开放阅读框架	<i>ycf</i>	<i>ycf3</i> 、 <i>ycf4</i> 、 <i>ycf2</i> 、 <i>ycf15</i> 、 <i>ycf68</i> 、 <i>ycf1</i> 、 <i>ycf1</i> 、 <i>ycf68</i> 、 <i>ycf15</i> 、 <i>ycf2</i>
	乙酰-CoA-羧化酶的亚基	<i>acc</i>	<i>accD(pseudogene)</i>
	包膜蛋白	<i>cem</i>	<i>cemA</i>
其他基因	c 型细胞色素合成基因	<i>ccs</i>	<i>ccsA</i>
	蛋白酶	<i>clp</i>	<i>clpP</i>
	翻译起始因子	<i>inf</i>	<i>infA</i>
	成熟酶	<i>mat</i>	<i>matK</i>

简单重复序列(SSR)具有位点多态性,可开发为分子标记进行物种鉴定。通过 MISA 对八角枫叶绿体基因组进行分析,发现存在 5 种类型的 120 个 SSRs,其中单核苷酸 82 个、二核苷酸 27 个、三核苷酸 6 个、四核苷酸 4 个、五核苷酸 1 个。

## 2.4 八角枫、其他 4 种八角枫属植物种间叶绿体基因组同源比对

利用 mVISTA 软件的 Shuffle-LAGAN 模式,将本研究中注释的八角枫叶绿体基因组作为叶绿体基因组同源性的参考。结果(图 2)表明,5 种植物(八角枫、其他 4 种八角枫属植物)叶绿体基因组的基因组成和序列顺序高度保守,但在 *petN-psbD*、*rps4-trnF*、*petA-psbJ*、*clpP-psbB* 基因区间内以及 *ycf1*、*ycf2*、*rrn16* 等基因编码区内存在显著差异。

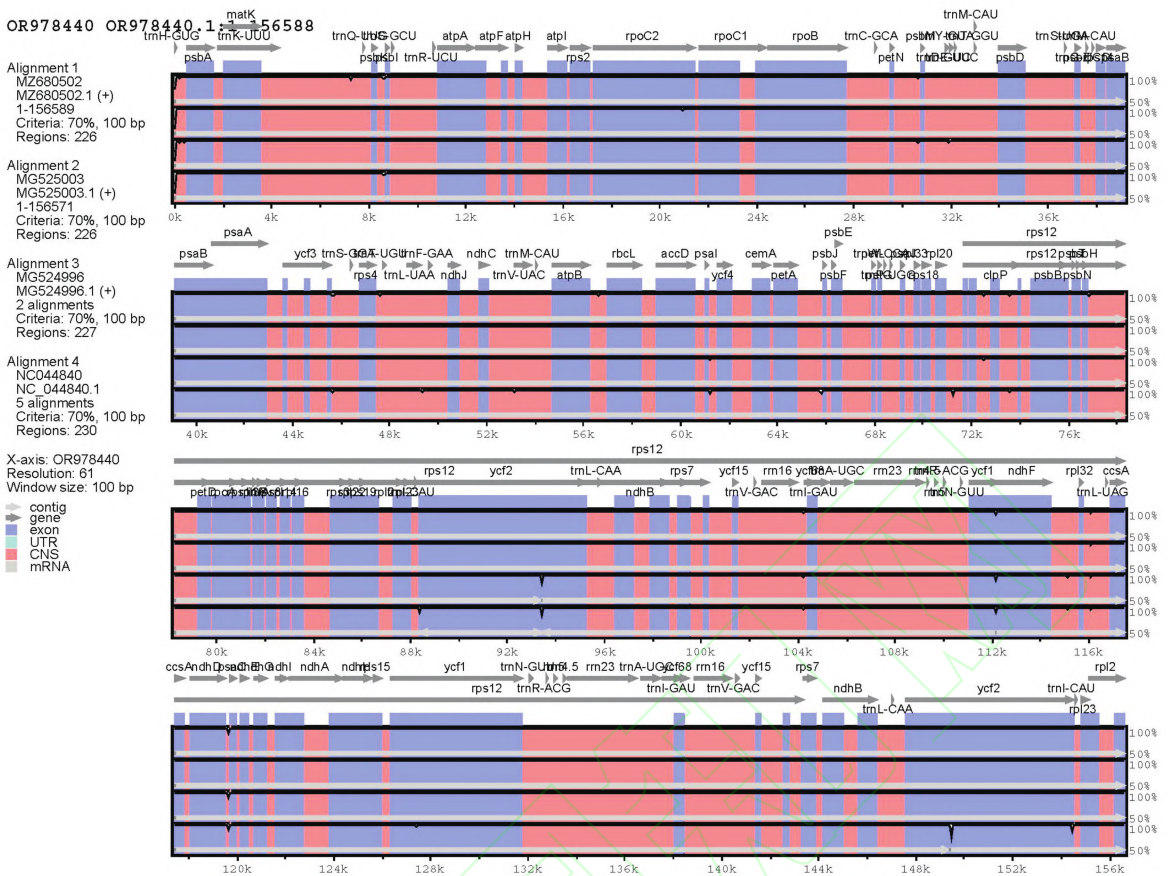
## 2.5 八角枫、其他 4 种八角枫属植物叶绿体基因组共线性分析

利用 Geneious 软件对八角枫、毛八角枫、高山八角枫、八角枫 MG524996 和八角枫 S11216 的叶绿体基因组序列进行序列重组及共线性分析。Mauve 多基因组分析结果(图 3)显示,5 种植物(八角枫、其他

4 种八角枫属植物)的叶绿体基因组具有 2 个局部共线区(LCBs),不存在大片段的重排或倒置,基因组间具有高度相似性和共线性。

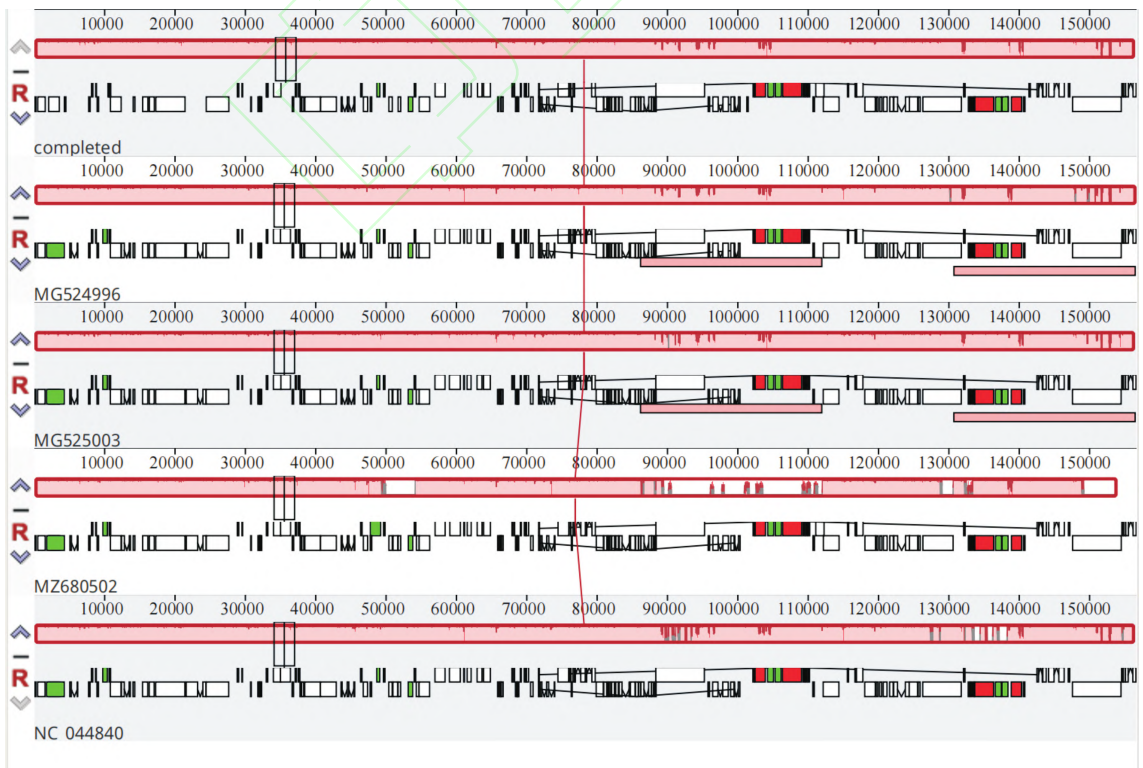
## 2.6 系统发育分析

因为八角枫科仅有 1 个八角枫属,所以本研究选取了与八角枫科亲缘关系较相近的蓝果树科、桃金娘科、菱角科、瑞香科、胡颓子科等 26 种植物的叶绿体基因组序列。以胡颓子科胡颓子属的木半夏和沙枣为外类群,利用邻接法构建系统发育树。结果(图 4)显示,各科的物种都聚成一支;在系统发育树上,27 种植物可以划分为 3 条主要分支。与胡颓子科胡颓子属植物(*Elaeagnus multiflora*、*Elaeagnus glabra*、*Elaeagnus angustifolia*)相区别,包括八角枫在内的八角枫科、蓝果树科等 24 种植物聚成独立的一支,其支持率均为 100%。在此基础上,又将其分为 3 个二级分支,其中,瑞香科和其属下的狼毒属、瑞香属、沉香属等几个属(包括 *Stellera chamaejasme*、*Daphne genkwa*、*Daphne retusa*、*Aquilaria yunnanensis*、*Aquilaria sinensis*)组成了一个独立的系统,支持率均为 100%。



WE为八角枫;MB为毛八角枫;GS为高山八角枫;GM为八角枫 MG524996;XH为八角枫 NC044840;横坐标代表序列的位置;纵坐标为相似度 (空白处表示相似度低于50%);灰色箭头上方的是基因名称;箭头方向表示转录的方向(正向/反向);蓝色表示外显子;红色表示基因间隔区

图2 八角枫、其他4种八角枫属植物的叶绿体全基因组序列同源比对



Completed为八角枫;MG524996为八角枫 MG524996;MG525003为高山八角枫;MZ680502为毛八角枫;NC044840为八角枫 NC044840

图3 八角枫、其他4种八角枫属植物叶绿体基因组的共线性分析

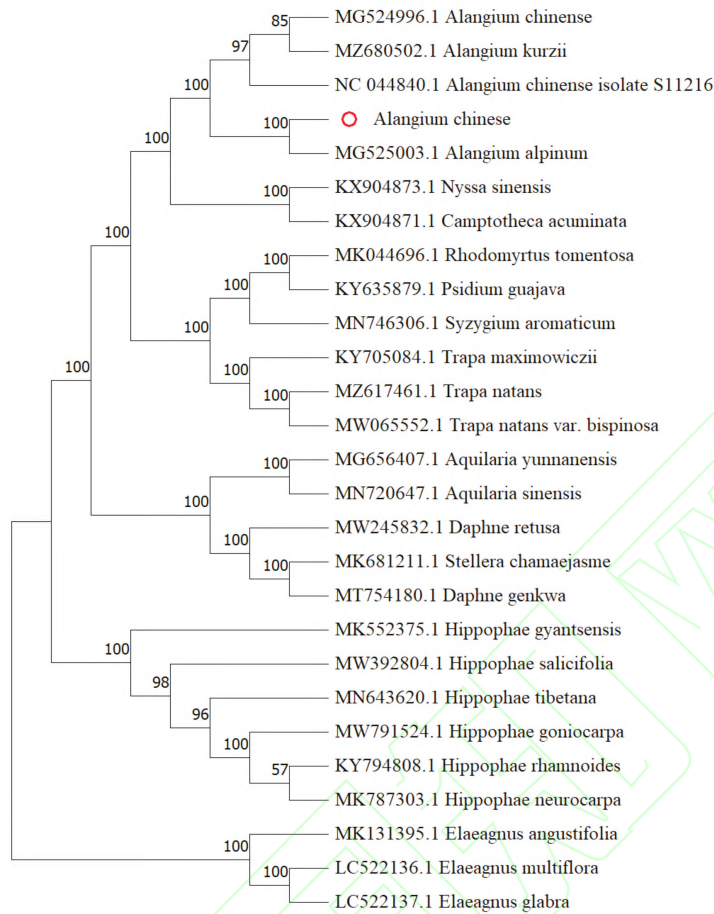


图4 八角枫及26种植物叶绿体基因组序列的系统发育树

八角枫与八角枫 MG524996、高山八角枫、毛八角枫、八角枫 NC044840 聚为一小支,支持率均为100%,其中八角枫与高山八角枫是亲缘关系最近的姐妹类群,推测它们之间存在着共同的演化关系。

### 3 讨论

八角枫作为一种贵州的特色植物及常用的苗药,在散瘀止痛、炎症治疗中具有广阔的发展前景和应用价值。本研究对八角枫叶绿体基因组进行测序、组装、注释及分析,结果表明,其基因结构为双链共价闭合环状分子,叶绿体基因组的长度为156 672 bp,共编码130个基因,包括81个蛋白质编码基因(PCGs)、38个tRNA转运基因、8个rRNA基因和3个假基因,其在叶绿体基因组序列中占比分别为62.31%、29.23%、6.15%和2.31%,蛋白质编码基因的数量最多,且其GC含量为37.69%,与杨小英等<sup>[16]</sup>的研究结果相似。通过REPuter软件对八角枫叶绿体基因组序列分析发现,共有64个长重复序列(正向重复序列、反向重复序列、回文重复序列所占的比例分别为46.9%、3.1%、50.0%),其结果与稀花八角枫和伏毛八角枫相似<sup>[15]</sup>。

SSR位点通常被用于物种鉴定,通过MISA检测

出5种类型共120个SSRs,其中单核苷酸82个、二核苷酸27个、三核苷酸6个、四核苷酸4个、五核苷酸1个。五核苷酸的类型为CAAGA;单核苷酸中以A/T居多,分别为29、50个,分析结果与植物叶绿体基因组SSR序列组成规律相一致<sup>[18]</sup>。同源比对结果表明,八角枫、毛八角枫、高山八角枫、八角枫 MG524996和八角枫 NC044840叶绿体基因组的基因组成和序列顺序高度保守,但在 $petN-psbD$ 、 $rps4-trnF$ 、 $petA-psbJ$ 、 $clpP-psbB$ 基因区间内以及 $ycf1$ 、 $ycf2$ 、 $rrn16$ 等基因编码区内存在显著差异。共线性分析表明5种植物(八角枫、其他4种八角枫属植物)的叶绿体基因组具有2个局部共线区(LCBs),不存在大片段的重排或倒置,基因组间具有高度相似性和共线性。

通过比较八角枫科27个相似植物物种(如八角枫、毛八角枫和高山八角枫)的全叶绿体基因组序列,构建系统发生树,结果显示八角枫和高山八角枫的亲缘关系最为密切,表明这两个物种之间存在共同的进化关系。以上同源比对、共线性分析和系统进化树分析结果均表明,本试验所研究八角枫与NCBI中已存在的八角枫属八角枫不同亚种叶绿体基因组间存在显著差异,推测其为八角枫属八角枫

的一个不同亚种。本研究结果既揭示了八角枫属及八角枫科近缘属各物种之间的系统进化关系,同时又为八角枫属新物种的鉴定、种质资源的保护、探析八角枫药用价值、功能基因分析等提供了分子依据。

#### 参考文献:

- [1] ZHOU Y, NIE J, XIAO L, et al. Comparative chloroplast genome analysis of rhubarb botanical origins and the development of specific identification markers[J]. *Molecules*, 2018, 23(11): 2811.
- [2] 宋维才. 植物叶绿体基因组生物信息分析方法的系统性整合和应用[D]. 山东青岛: 青岛科技大学, 2023.
- [3] 毕毓芳, 温 星, 潘雁红, 等. 叶绿体DNA条形码在林木中的应用及研究进展[J]. *分子植物育种*, 2020, 18(16): 5444-5452.
- [4] 王 飞, 赵文植, 董章宏, 等. 丝兰属6种植物叶绿体基因组特征分析[J]. *植物研究*, 2023, 43(1): 109-119.
- [5] 范李强, 胡 欢, 郑洪蕾, 等. 响叶杨(杨属)叶绿体基因组测序与比较分析[J]. *四川大学学报(自然科学版)*, 2018, 55(1): 165-171.
- [6] 赵志常, 高爱平, 黄建峰, 等. 黄皮叶绿体基因组测序与分析[J]. *安徽农业科学*, 2019, 47(11): 115-118.
- [7] 杨嘉鹏, 朱紫乐, 范雅娟, 等. 三种石豆兰属药用植物的叶绿体基因组比较分析及其在物种鉴定中的意义[J]. *药学学报*, 2020, 55(11): 2736-2745.
- [8] 左瑞华, 蒋 平, 孙传伯, 等. 基于全基因组从头测序技术盐肤木叶绿体基因组的测序分析[J]. *生物工程学报*, 2020, 36(4): 772-781.
- [9] 张译敏, 廖秀玲, 王雪妮, 等. 八角枫药理和毒理作用的研究现状[J]. *中国临床药理学杂志*, 2019, 35(19): 2476-2478.
- [10] 汪 雨, 唐 露, 邵士成, 等. 两种珍稀白蝶兰属(兰科)叶绿体基因组比较分析[J]. *广西植物*, 44(1): 43-55.
- [11] LUO R, LIU B, XIE Y, et al. SOAPdenovo2: An empirically improved memory-efficient short-read de novo assembler[J]. *Genome science*, 2012, 1(1): 18.
- [12] KENT W J. BLAT—The BLAST-like alignment tool[J]. *Genome Res*, 2002, 12(4): 656-664.
- [13] LIU C, SHI L, ZHU Y, et al. CpGAVAS, an integrated web server for the annotation, visualization, analysis, and GenBank submission of completely sequenced chloroplast genome sequences [J]. *BMC genomics*, 2012, 13: 715.
- [14] WYMAN S K, JANSEN R K, BOORE J L. Automatic annotation of organellar genomes with DOGMA [J]. *Bioinformatics*, 2003, 20, 3252 - 3255.
- [15] LOHSE M, DRECHSEL O, KAHLAU S, et al. Organellar genome DRAW—A suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes visualizing expression data sets [J]. *Nucleic acids research*, 2013, 41: 575-581.
- [16] 杨小英, 刘 畅, 曾宪法, 等. 八角枫及其亚种叶绿体基因组序列结构及系统发育分析[J]. *药学学报*, 2022, 57(10): 3229-3239.
- [17] 陈彩慧, 余小玲, 符 潮, 等. 毛叶樟叶绿体全基因组序列特征与系统发育[J]. *分子植物育种*, 2023, 21(24): 8066-8074.
- [18] 楼天灵, 袁莉霞, 张国芳, 等. 铁皮石斛叶绿体基因组特征与系统发育分析[J]. *种子*, 2022, 41(8): 35-41.