长柔毛野豌豆叶绿体基因组特征与系统发育

刘虹,魏涛,杨天戈
(中南民族大学 生命科学学院, 湖北 武汉 430074)

摘 要 长柔毛野豌豆(*Vicia villosa*)是野豌豆属一年生植物,喜欢生长在湿润且富有机质的生境中.近年来豆科植物叶绿体基因组研究已取得阶段性进展.本研究基于NCBI长柔毛野豌豆全基因组重测序数据,对其叶绿体基因组展开组装与分析.结果显示:长柔毛野豌豆叶绿体基因组全长为124228 bp,GC含量34.63%,同时缺少反向重复IR区,不具备典型的四分体结构,属于缺乏反向重复序列的物种.长柔毛野豌豆叶绿体基因组涵盖110个基因,包括76个CDS、4个rRNA基因及30个tRNA基因.密码子分析显示,其叶绿体基因组密码子更偏好使用A/T碱基.重复序列分析检测到65个SSRs,这些位点多以单核苷酸重复形式存在,且长重复序列主要以正向重复为主.另外,与近缘物种相比,它们的叶绿体基因组间变异整体较小,但在*ycf4*、*rps11*、*rpoA*、*trnL*-UAG~*trnF*-GAA、*trnI*-CAU、*trnL*-CAA、*trnH*-GUG~*trnN*-GUU和*ndhB*区域存在明显差别.系统发育分析显示,长柔毛野豌豆与广布野豌豆亲缘关系较近,表明二者在进化历程中可能拥有共同的祖先.本研究为野豌豆属植物遗传多样性分析和野生资源开发利用等工作提供基础的数据支持.

关键词 长柔毛野豌豆;叶绿体基因组;缺乏反向重复的类群;系统发育
中图分类号 Q943.2 **文献标志码** A **文章编号** 1672-4321(2026)05-0613-09
doi: 10.20056/j.cnki.ZNMDZK.20260727

Chloroplast genome characterization and phylogeny of *Vicia villosa*

Liu Hong, Wei Tao, Yang Tiange
(College of Life Sciences, South-Central Minzu University, Wuhan 430074, Hubei China)

Abstract *Vicia villosa* belongs to the *Vicia* genus of the Fabaceae family and is an annual herb that prefers to grow in moist and organic-rich habitats. Although the chloroplast genome study of Fabaceae has gradually progressed in recent years, the chloroplast genome of *Vicia villosa*, a member of the IRLC (inverted repeat lacking clade) taxon, has not yet been assembled. This study is based on NCBI *V. villosa* whole genome resequencing data and assembled and analyzed its chloroplast genome. These results showed that the full length of the *V. villosa* chloroplast genome is 124228 bp, with 34.63% GC content, and it lacks the inverted repeat IR region, does not have the typical tetrad structure, and belongs to the species lacking in inverted repeat sequence. This chloroplast genome has 110 genes, including 76 CDS, 4 rRNA genes and 30 tRNA genes. Codon analysis showed a preference for A/T bases for its chloroplast genome codons. Repeat sequence analyses detected 65 SSRs, and these loci were mostly in the form of mononucleotide repeats, and in the case of long repeat sequences mainly forward repeats were dominant. In addition, the overall variation among their chloroplast genomes was small compared to their close relatives, but significant differences existed in the *ycf4*, *rps11*, *rpoA*, *trnL*-UAG~*trnF*-GAA, *trnI*-CAU, *trnL*-CAA, *trnH*-GUG~*trnN*-GUU, and *ndhB* regions. Phylogenetic analyses showed that *Vicia villosa* and *Vicia cracca* are relatively close to each other, indicating that they may share a common ancestor during the evolutionary process. This study provides some basic data support for the genetic diversity analysis of *Vicia* and the development and utilization of wild resources.

Keywords *Vicia villosa*; chloroplast genome; IRLC; phylogeny

收稿日期 2025-03-31
作者简介 刘虹(1977-),女,教授,博士,研究方向:植物分类与植物资源学,E-mail:liuhong@scuec.edu.cn
基金项目 中南民族大学学术创新团队项目(XTZ24020)

长柔毛野豌豆(*Vicia villosa*)隶属于豆科(Fabaceae)野豌豆属(*Vicia*),主要分布于我国东北、华北、西北、西南以及山东、江苏等地[1].野豌豆属植物环境适应力强,根系可耐酸、碱性土壤,植株抗寒、耐旱能力强[2];其根瘤具有固氮作用,能吸收土壤中的重金属,对土壤质量提升意义重大.在农业领域中,果实转色期遇大雨时,野豌豆可吸水膨胀,减少裂果率;发芽分化期,可降低局部环境温度,减少畸形果产生.作为果园覆盖作物,不仅能抑制杂草生长,还能优化土壤细菌结构,改善果园生态网络.其种子富含植物凝血素(lectin),在免疫学、肿瘤生物学等领域的研究和实验中应用广泛[2].

在植物进化历史中,叶绿体基因组多呈现母系遗传特性,具有独立、保守且半自主的遗传特征.叶绿体基因组编码基因数量和排列顺序相对稳定,很少出现重组变异现象,由于这些特点使其成为研究植物鉴定、系统发育及探索物种起源等关键领域的重要研究工具[3].一般来说,高等植物的叶绿体基因组由1个大单拷贝区(large single copy,LSC)、1个短单拷贝区(small single copy,SSC)以及2个反向重复区(inverted repeats,IRs)构成,是典型的环状双链DNA结构,其大小一般在120~180 kb范围内[4].

目前,长柔毛野豌豆的叶绿体基因组尚未被组装,本研究通过组装长柔毛野豌豆的叶绿体基因组,全面开展基因组注释及结构特征剖析,包括密码子偏好性评估等多项分析,并构建系统进化树,同时探究野豌豆属及山黧豆属(*Lathyrus*)多个物种的系统发育关系.该研究为明确野豌豆属内物种间的亲缘关系,理解野豌豆属叶绿体基因组提供基础,对揭示豆科植物演化规律及挖掘遗传资源具有重要价值[5].

1 材料与方法

1.1 叶绿体数据的获取

长柔毛野豌豆(*Vicia villosa*)叶绿体测序数据源于NCBI数据库,借助生物信息学技术筛选出高质量的基因组数据,然后利用组装软件完成序列拼接.完成注释工作后上传NCBI并取得登录号(PV200215).将基于上述数据进行后续分析,其近缘物种的叶绿体基因组源于NCBI数据库,详见表1.

表1 样品信息

Tab. 1 Information of plant samples

拉丁名	物种名	GenBank登录号	碱基长度/bp	拉丁名	物种名	GenBank登录号	碱基长度/bp
Vicia ramuliflora	北野豌豆	MN_758738	124682	*Vicia bungei*	大花野豌豆	MT_362055	130796
Lathyrus ochroleucus	红山黧豆	NC_027077	123911	*Vicia faba*	蚕豆	MT_120813	123805
Vicia tibetica	西藏野豌豆	NC_083921	134974	*Vicia sepium*	滇野豌豆	NC_039595	124095
Vicia kulingana	牯岭野豌豆	PQ_576733	125696	*Vicia cracca*	广布野豌豆	NC_056383	126272
Vicia costata	新疆野豌豆	NC_057995	134184	*Vicia sativa*	救荒野豌豆	NC_027155	122467
Lathyrus littoralis	海滨山黧豆	NC_027076	123734	*Vicia villosa*	长柔毛野豌豆	PV_200215	124228

1.2 叶绿体基因组的组装与注释

用GetOrganelle v.1.7.5[6]软件对序列进行拼接,参数设置为"-R 15 -t 20 -k 21, 45, 85, 105 -F embplant_pt". Bandage v.0.8.1[7]软件评估组装基因组的完整性.叶绿体基因组注释用CPGAVAS2[8]的3个数据库,分别提交GB2sequin上查看注释结果,手动检查不同注释结果,去除不正确的和修改错误的基因,并获得最终的注释结果.基于注释结果,在Organellar Genome DRAW(OGDRAW)[9]绘制叶绿体全基因组图谱.将叶绿体基因组的注释成果提交至GenBank,并取得登录号(PV200215).

1.3 密码子偏好性分析

CodonW v.1.4.4[10]分析叶绿体基因组密码子,获得有效密码子(effective number of codon,NC)、GC含量、相对同义密码子使用值(relative synonymous codon usage,RSCU)和第3位上的GC碱基含量(GC3s).

1.4 重复序列鉴定

使用MISA v.2.1[11]软件鉴定简单重复序列(SSR).在探讨核酸序列特征时,针对单核苷酸、二核苷酸、三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸这些不同的序列单元,其出现重复的最小次数要求分别为10次、6次、5次、5次、5次、5次.使用REPuter[12]来预测回文重复序列和互补重复序列、正向重复序列和反向重复序列.

1.5 变异热点分析

选择了10个野豌豆属物种和2个山黧豆属物种的叶绿体基因组,以长柔毛野豌豆为参考,通过

mVISTA[13]做全基因组对比，用 shuffle-LAGAN 模式，进行叶绿体全基因组序列对比和差异性分析.

1.6　共线性分析

将野豌豆属 10 个物种的叶绿体基因组导入 Mauve v.20250226[14]中，参数选择“-507”，进行叶绿体序列共线性分析.

1.7　系统发育分析

选择野豌豆属的 10 个物种，以山黧豆属的 2 个物种作为外类群，共同构建最大似然树（ML）. 先使用 MAFFT v.7.456[15]软件对它们进行比对，然后使用 IQ-TREE v.2.1.2[16]软件构建最大似然树，参数设置为“-m MFP -b 1000 -nt 30”. 使用 FigTree v.1.4.3 软件对结果树进行可视化.

2　结果与分析

2.1　叶绿体基因组的结构

长柔毛野豌豆叶绿体基因组全长 124228 bp，GC 含量 34.63%，叶绿体环形图展现出一种异于常规四分体结构，归为 IRLC 群体（图 1）. 该图谱共标明注释基因 110 个，其中 CDS 有 76 个，另有 4 个核糖体 RNA 基因，转运 RNA 基因 30 个. 在 30 个 tRNA 中含有 1 个内含子的有 6 个（*trnA*-UGC、*trnI*-GAU、*trnK*-UUU、*trnV*-UAC、*trnG*-UCC、*trnL*-UAA）（图 2）.

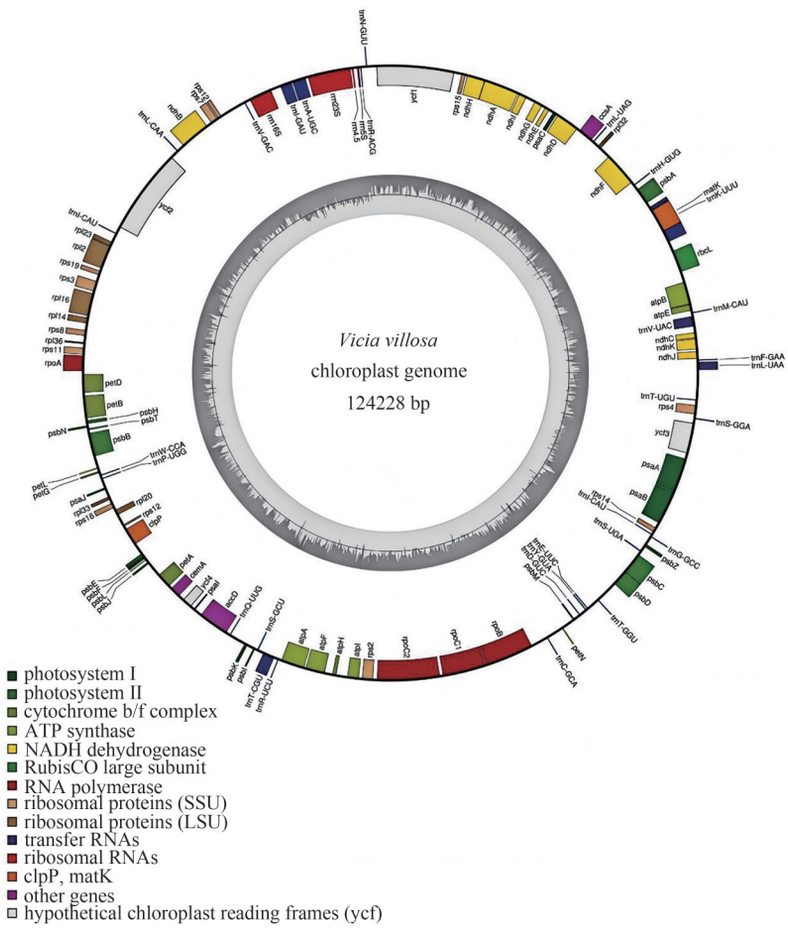


图 1　长柔毛野豌豆叶绿体基因组圈图

Fig. 1　Chloroplast genome circle map of *Vicia villosa*

2.2　密码子偏好性分析

通过对已注释的叶绿体密码子进行深入分析，发现 76 个 CDS 共生成了 41409 个密码子，因遗传密码的简并性，其中 Trp 和 Met 各对应 1 个特定密码子，而其余氨基酸均匹配 2 个或更多个密码子. 在这些密码子中，RSCU 值超过 1 的密码子数量总计有 30 个，占据密码子总数的 66.88%. 除 AGA 的同义密码子频率值超过 2 之外，其余密码子均处于 1~2 之间，这一发现表明在叶绿体基因组中并不存在偏好突出的密码子（表 2）. 就 RSCU 而言，Leu 的使用频率位居首位，高达 10.34%，其次是 Ile，使用频率为 9.26%，而使用频率最低的是 Trp，仅为 0.96%. 除了 Trp 和 Met 之外，大多数氨基酸所对应的密码子都呈现出一定的偏好性（图 3）. 此外，对 10 种野豌豆属植物与 2 种山黧豆属植物的叶

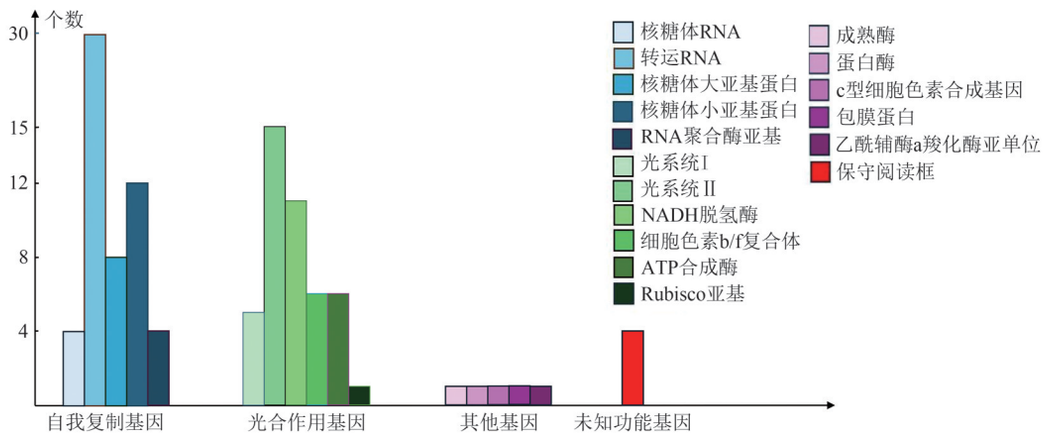


图2 长柔毛野豌豆的叶绿体基因组中的基因分类

Fig. 2 Classification of genes in the chloroplast genome of *Vicia villosa*

表2 长柔毛野豌豆叶绿体基因组的密码子信息统计

Tab. 2 Codon information statistics of the chloroplast genome of *Vicia villosa*

氨基酸	密码子	数量	同义密码子频率	氨基酸	密码子	数量	同义密码子频率
Phe	UUU	1978	1.26	Tyr	UAU	1301	1.41
	UUC	1169	0.74		UAC	547	0.59
Leu	UUA	947	1.33	Ter	UAA	1061	1.24
	UUG	935	1.31		UAG	649	0.76
	CUU	820	1.15		UGA	852	1.00
	CUC	515	0.72	Gln	CAA	869	1.43
	CUA	682	0.96		CAG	348	0.57
	CUG	383	0.54	Asn	AAU	1598	1.42
Ile	AUU	1672	1.31		AAC	656	0.58
	AUC	796	0.62	Lys	AAA	2066	1.45
	AUA	1366	1.07		AAG	791	0.55
Met	AUG	622	1.00	Asp	GAU	727	1.37
Val	GUU	614	1.38		GAC	338	0.63
	GUC	319	0.72	Glu	GAA	1046	1.43
	GUA	549	1.24		GAG	422	0.57
	GUG	293	0.66	Cys	UGU	581	1.29
Ser	UCU	886	1.45		UGC	319	0.71
	UCC	651	1.07	His	CAU	724	1.46
	UCA	854	1.40		CAC	265	0.54
	UCG	404	0.66	Trp	UGG	398	1.00
	AGU	532	0.87	Arg	CGU	260	0.66
	AGC	340	0.56		CGC	192	0.48
Pro	CCU	520	1.16		CGA	394	0.99
	CCC	440	0.98		CGG	219	0.55
	CCA	566	1.26		AGA	925	2.33
	CCG	272	0.61		AGG	389	0.98
Thr	ACU	585	1.31	Gly	GGU	376	1.02
	ACC	417	0.93		GGC	227	0.61
	ACA	505	1.13		GGA	534	1.44
	ACG	284	0.63		GGG	344	0.93
Ala	GCU	321	1.19	Ala	GCA	349	1.30
	GCC	259	0.96		GCG	146	0.54

绿体进行比较分析,发现NC值处于53.28至54.46之间,这说明其密码子偏好性较弱.同时,GC3s含量在0.325到0.344之间,GC含量均低于50%,这充分说明豆科植物的密码子更倾向于使用A/T碱基(表3).

2.3 重复结构鉴定

共检测到该物种SSR位点65个,包括单碱基重复61个,双碱基重复4个,以单碱基A/T重复为主,同时对广布野豌豆(*Vicia cracca*)、大花野豌豆(*Vicia bungei*)、救荒野豌豆(*Vicia sativa*)、西藏野豌豆(*Vicia tibetica*)进行分析,检测到位点分别为79个、76个、51个、84个,都是以单碱基A/T重复为主;从遗传进化角度来看,DNA复制时A/T单碱基重复更易产生滑动错配,能快速产生丰富的等位基因,为野豌豆属植物在复杂生态环境下的适应性进化提供遗传基础.在长重复序列中,长柔毛野豌豆:正向50个;救荒野豌豆:正向40个,反向2个,回文序列8个;西藏野豌豆:正向26个,回文序列24个;大花野豌豆:正向29个,回文序列21个;广布野豌豆:正向48个,回文序列2个(图4).

2.4 变异热点分析

以长柔毛野豌豆叶绿体基因组作为参考序列,对11种豆科植物展开叶绿体基因组比较,结果显示,这12种植物基因区域总体结构高度相似,从编码区和非编码区的维度进行考察,发现非编码区的差异程度显著高于编码区,然而,在*ycf4*、*rps11*、*rpoA*基因编码区出现了相对明显的序列分歧,此外,*trnL*-UAG~*trnF*-GAA、*trnI*-CAU、*trnL*-CAA、*trnH*-GUG~*trnN*-GUU、*ndhB*等区域,同样存在较为明显的差异特征(图5).

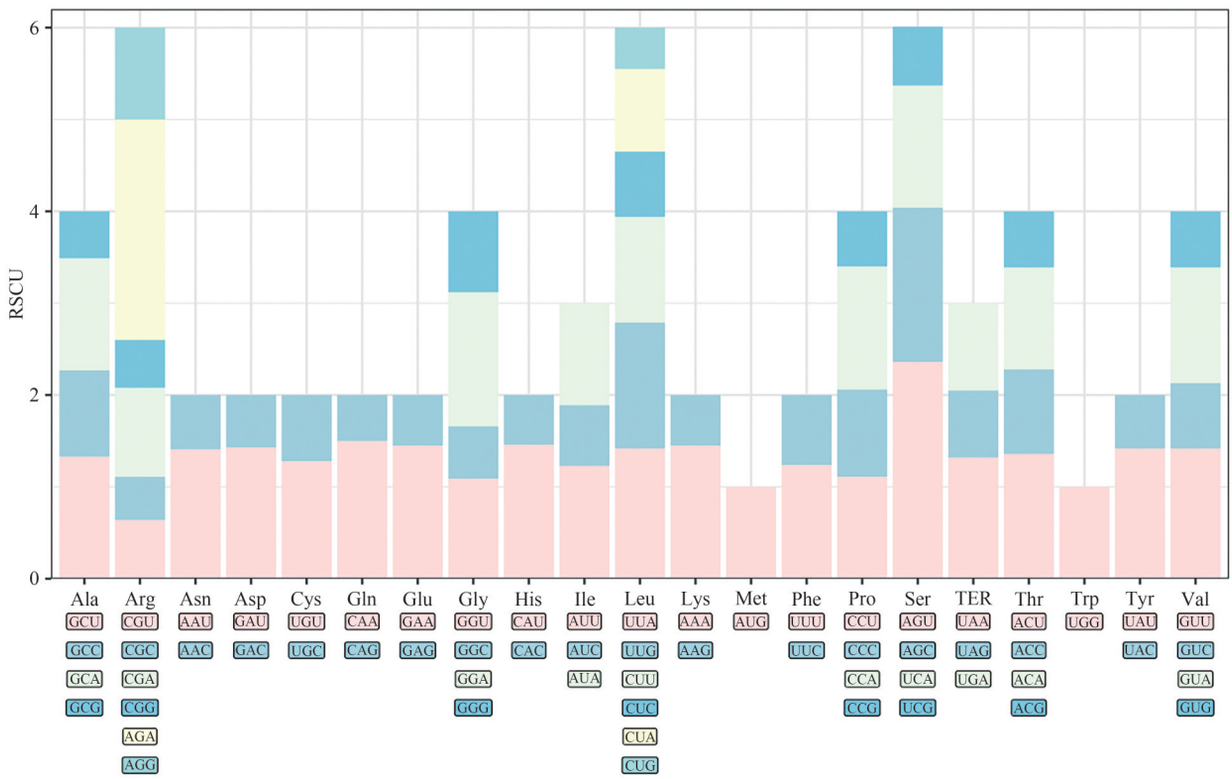


图3　长柔毛野豌豆叶绿体基因组的RSCU统计

Fig. 3　RSCU statistics of the chloroplast genome of *Vicia villosa*

表3　12类豆科植物叶绿体基因组的密码子特征

Tab. 3　Codon characterization of the chloroplast genomes of 12 Fabaceae species

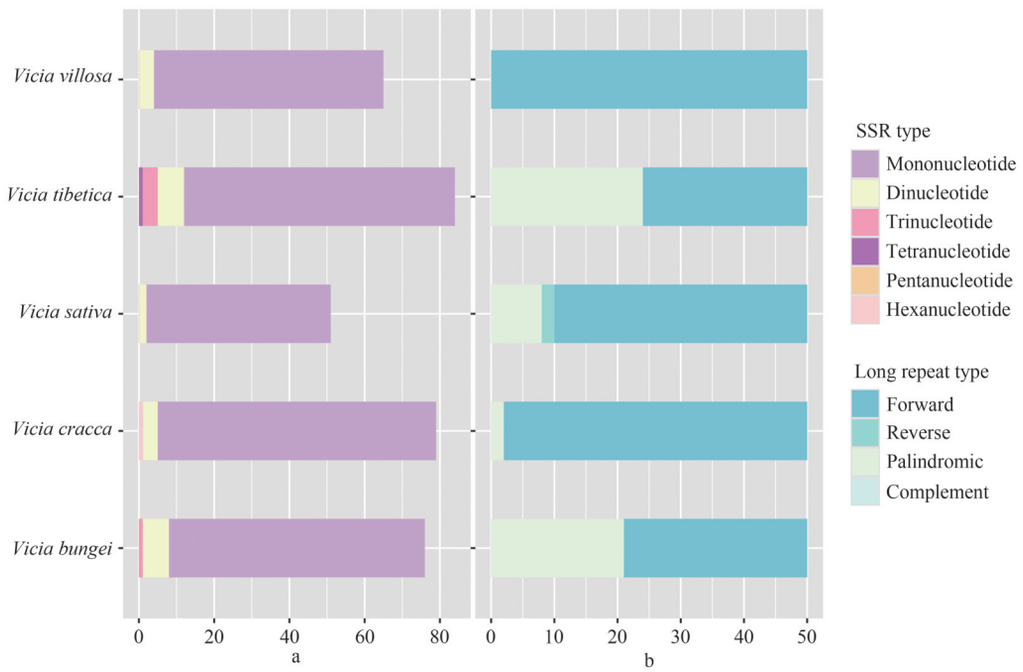
物种	T3s	C3s	A3s	G3s	Nc	GC3s	GC
Vicia cracca	0.4277	0.2201	0.4214	0.2291	53.60	0.331	0.357
Lathyrus littoralis	0.4156	0.2142	0.4400	0.2262	53.75	0.325	0.358
Lathyrus ochroleucus	0.4114	0.2350	0.4252	0.2322	54.46	0.344	0.359
Vicia bungei	0.4260	0.2368	0.4131	0.2209	54.30	0.339	0.357
Vicia costata	0.4184	0.2163	0.4379	0.2255	53.39	0.326	0.357
Vicia faba	0.4308	0.2247	0.4213	0.2172	53.94	0.328	0.355
Vicia ramuliflora	0.4159	0.2394	0.4198	0.2159	54.14	0.340	0.361
Vicia sepium	0.4258	0.2209	0.4260	0.2220	54.10	0.328	0.359
Vicia kulingana	0.4291	0.2288	0.4137	0.2221	53.83	0.335	0.359
Vicia sativa	0.4157	0.2329	0.4257	0.2144	54.24	0.335	0.361
Vicia tibetica	0.4177	0.2293	0.4288	0.2156	53.70	0.332	0.359
Vicia villosa	0.418	0.2308	0.4218	0.2198	53.96	0.335	0.356

2.5　共线性分析

野豌豆属，属于IRLC类群，该类群植物叶绿体基因组普遍缺失一对反向重复序列（IR）.IR区缺失会打破叶绿体基因组原有平衡结构，可能导致基因重排、插入和缺失事件频繁发生.IRLC类群植物在进化过程中，不同物种进化速率存在差异，这种差异可能源于物种所处生态环境、选择压力不同等因素.进化速率较快的物种，其叶绿体基因组积累的突变更多，基因序列改变及基因组结构调整更为显著.IRLC类群由于不能分辨IR区而导致叶绿体基因组起始位置存在随机改变，影响基因重排明显的共线分析.如图6所示，在这10个物种中，由于IR缺失，一些原本依赖IR维持稳定排列的基因片段，其位置和方向可能发生改变，进而导致在Mauve分析时共线性不一致.

2.6　系统发育分析

构建野豌豆属系统发育树，旨在探究该属内物种间的亲缘关联，同时，针对12种豆科植物叶



a:SSRs;b:长重复序列.

图4 野豌豆属植物的SSRs和长重复序列统计图

Fig. 4 SSRs and long repeat sequence statistical map of *Vicia* species

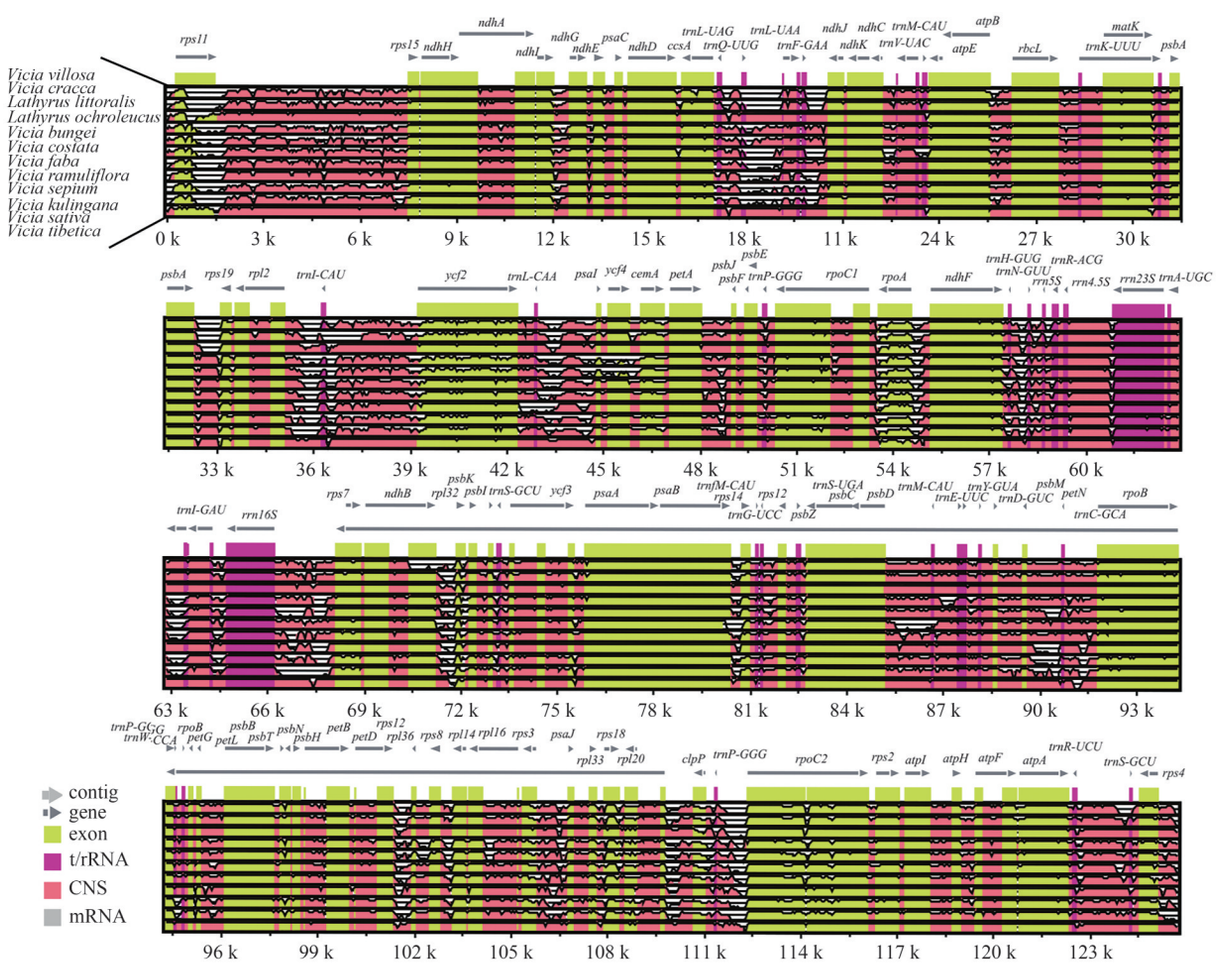


图 5 12种豆科植物的叶绿体基因组变异热点分析

Fig. 5 Hotspot analysis of chloroplast genomic variation in 12 Fabaceae species

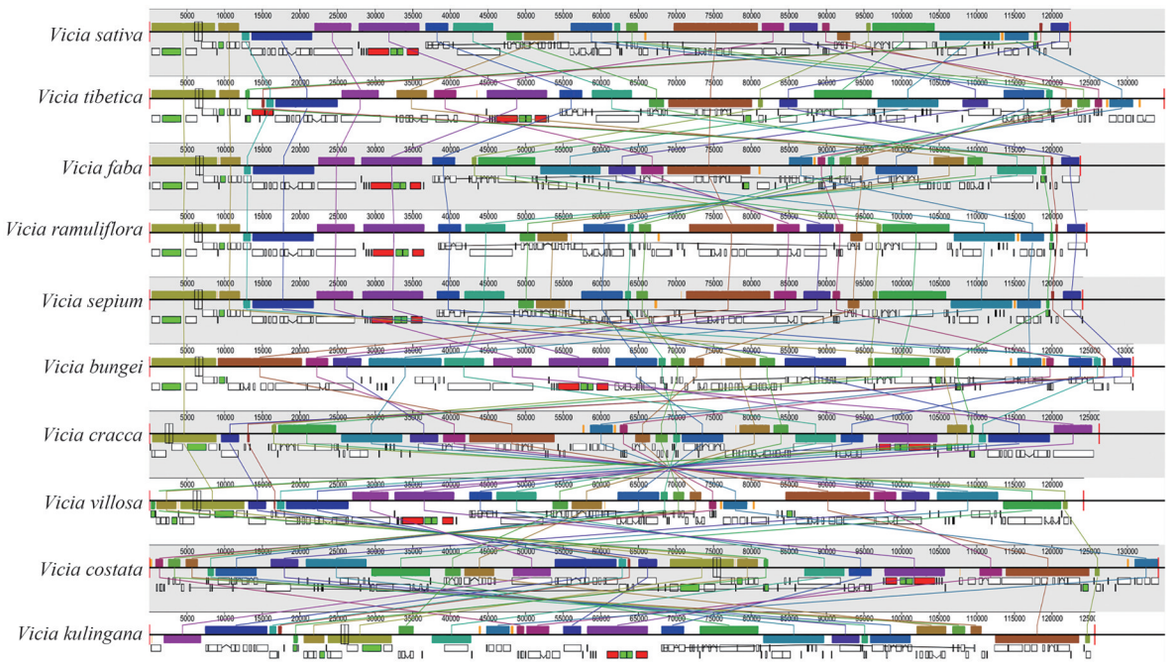


图 6　10种野豌豆属植物的叶绿体基因组共线性分析

Fig. 6　Collinearity analysis of chloroplast genomes of 10 *Vicia* species

绿体基因组展开亲缘性分析，结果显示，长柔毛野豌豆（*Vicia villosa*）与广布野豌豆（*Vicia cracca*）亲缘关系最为紧密，二者分支自展值为100，说明它们在进化历程中可能拥有共同祖先．所有 *Vicia* 属物种构成一个类群，该属内各物种分支自展值多为100，表明这些分支关系得到高度支持，显示出 *Vicia villosa* 与其他同属物种如 *Vicia bungei*、*Vicia faba* 等存在亲缘联系．相反，*Lathyrus* 属的红山黧豆、海滨山黧豆与 *Vicia* 属处于不同分支，说明 *Vicia* 属和 *Lathyrus* 属在进化上分歧较大，而 *Vicia villosa* 与 *Lathyrus* 属物种的进化距离明显大于其同属物种间的距离（图7）．

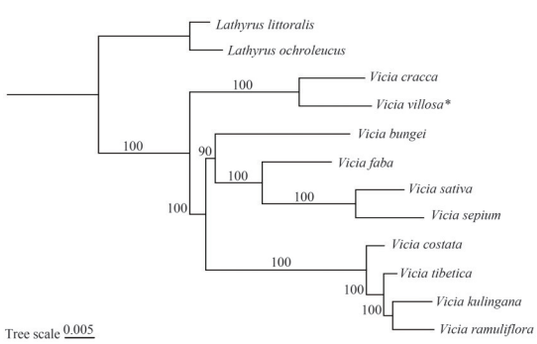


图 7　基于76个蛋白编码基因构建的12个物种的最大似然系统发育树

Fig. 7　Maximum likelihood phylogenetic tree for 12 species constructed on the basis of 76 protein-coding genes

3　讨论

在多数被子植物中，叶绿体基因组呈现典型四分体结构，但部分豆科植物叶绿体基因组在进化过程中发生多次重排，导致缺失1个IR区，被划分为IRLC类群[17]．对长柔毛野豌豆叶绿体基因组进行组装后发现，其同样缺失1个IR区，并非典型的四分体结构，故可判定长柔毛野豌豆属于IRLC类群．研究表明，5种野豌豆属植物叶绿体基因组在规模上呈现出差异极小，基因组结构、基因组成和基因顺序高度保守，它们在总基因数、蛋白质编码基因（PCGs）、核糖体RNA（rRNA）和转运RNA（tRNA）基因数量上一致，这表明它们的叶绿体基因组具有高度同源性．不过，基因组中的 *ycf1*、*ycf2*、*ycf3* 和 *ycf4* 功能尚不明确，有待进一步研究．

密码子使用偏好性与突变、自然选择及随机遗传漂变等分子进化机制紧密关联．多数氨基酸能被多种密码子编码，不同生物对密码子使用存在偏好性[18]．长柔毛野豌豆叶绿体基因组中，76个CDS编码了41409个密码子，除Trp和Met的RSCU值等于1外，其余30种氨基酸的RSCU值均大于1．12种豆科植物Nc值处于53.28至54.46之间，这一结果表明叶绿体基因组密码子在使用上偏好性较弱．叶绿体基因组的GC含量和GC3s含量均小于50%，密码子偏向使用A/T碱基，体现豆科植物遗传进化中密码

子使用的保守性和普适性[19].此外,GC碱基总含量和GC3s碱基占比相近,该现象提示12种植物在进化历程中可能存在亲缘关系.

SSR又称为微卫星,具有高度变异、数量多、保守性强、多态性高、分布广泛等特点,可提供丰富的遗传信息,广泛应用于物种鉴定,遗传多样性研究[20].该研究针对长柔毛野豌豆及其他4种豆科叶绿体基因组序列开展了简单重复序列分析,结果表明,其SSR类型主要以A/T单碱基重复为主,三核苷酸在西藏野豌豆(4个)和大花野豌豆(1个)中出现,四核苷酸仅在西藏野豌豆(1个)中出现,六核苷酸重复序列仅在广布野豌豆(1个)中发现,未观测到五核苷酸重复序列的踪迹.剖析这些重复序列分布规律与功能机制,有助于解析豆科植物基因组结构,评估基因遗传稳定性,为构建种内系统发育树、厘清种间亲缘关系提供关键分子依据.

变异热点分析可为叶绿体基因组系统发育提供重要分子片段[21].*atpB*、*atpB*~*rbcL*、*matK*、*ndhF*、*rbcL*等基因在不同分类阶元的系统发育重建过程中得到应用[22].植物DNA条形码常用于植物鉴定、分类中,*atpF*、*matK*、*psbI*、*rbcL*、*rpoB*、*rbcL*、*trnH*-GUG~*psbA*等片段是研究植物DNA条形码的重要选择[23].通过mVISTA软件对叶绿体基因组开展变异热点分析,发现*trnL*-UAG~*trnF*-GAA、*trnI*-CAU、*trnL*-CAA、*trnH*-GUG~*trnN*-GUU、*ndhB*、*ycf4*、*rps11*、*rpoA*等编码区差异显著,这些高变异区域具有作为野豌豆属植物DNA条形码的开发价值.对南方红豆杉(*Taxus wallichiana*)、洋金花(*Datura metel*)与木曼陀罗(*Brugmansia arborea*)、黄背草(*Themeda triandra*)及其近缘种、细辛(*Asarum heterotropoides*)的叶绿体基因组研究发现[24-27],*atpF*、*rpoC2*、*ycf1*、*trnL*-UAG~*trnF*-GAA等基因位点可作为稳定的分子标记,解决传统形态学鉴定在近缘种上易混淆的问题.这些区域可作为遗传标记,帮助解析野豌豆属植物的进化历程和种间亲缘关系.

共线性分析通过比较物种基因组间的基因排列顺序,探究基因或基因组片段在不同物种间的线性关系,以推测物种关系.由于长柔毛野豌豆属于IRLC类群,其叶绿体基因组缺失一对反向重复序列,打破了基因组的平衡结构,基因重排、插入和缺失事件更易发生.IRLC类群因IR区不能分辨,导致叶绿体基因组起始位置随机改变,影响基因重排的共线性分析.结果观察到叶绿体基因发生了重排、倒位、缺失等结构变化.

利用最大似然法和贝叶斯法构建了野豌豆属物种的系统发育树[28].对比来看,长柔毛野豌豆与广布野豌豆的联系最为紧密,且自展值为100,表明它们在遗传物质上差异较小,二者在形态特征方面也存在一定相似性,而*Lathyrus*属的红山黧豆、海滨山黧豆与*Vicia*属物种处于不同的分支,表明*Vicia*属和*Lathyrus*属在进化上分歧较大,在*Vicia*属内,各物种分支自展值多为100,表明这些分支关系得到高度支持,长柔毛野豌豆与其他同属物种形成了一个特定的类群[29],这进一步强调了不同属之间在进化上的独立性和差异性.

在豆科植物中,关于IRLC类群叶绿体基因组结构变异的研究还在不断探索中.现有研究表明,在不同豆科植物中IR区缺失演化机制较为复杂.在鹰嘴豆(*Cicer arietinum*)的研究中发现,其IR区缺失可能与基因重组及重复序列介导的缺失事件有关[30],且IR区缺失引发基因组结构重排,影响基因表达调控.苜蓿属(*Medicago*)植物研究则表明,IR区丢失伴随单拷贝区基因扩张与收缩,与环境适应性存在一定关联[31].

通过对长柔毛野豌豆叶绿体基因组解析,发现其属于典型IRLC类群.研究了IR区缺失对叶绿体基因组结构的影响,通过分析*trnL*-UAG~*trnF*-GAA等高变区结构变异,发现在野豌豆属物种鉴定方面具有条形码开发潜力,为豆科植物叶绿体基因组在物种鉴定、遗传标记等实际应用场景中提供了新数据.此外,结合系统发育树分析,厘清了野豌豆属植物在IRLC类群中的亲缘关系,为理解豆科植物该类群叶绿体基因组演化及实际应用提供了参考.

参 考 文 献

[1] 万定荣, 胡吉清, 龙娓芳, 等.鄂西土家族常用植物药(豆科和虎耳草科)的调查研究[J].中南民族大学学报(自然科学版), 2014, 33(4): 61-63.

[2] 中国科学院中国植物志编辑委员会.中国植物志:第42卷第2分册[M].北京:科学出版社,1998.

[3] Li D. Rapid quantitative analysis of 12 chemical constituents in wild-simulated and cultivated *Astragali Radix* based on UHPLC-MS[J]. Chinese Herbal Medicines, 2022, 14(3): 464-469.

[4] Twyford A D, Ness R W. Strategies for complete plastid genome sequencing[J]. Molecular Ecology Resources, 2017, 17(5): 858-868.

[5] Li X, Wang Y, Zhang L, et al. Chloroplast genome - based phylogeny and divergence time estimation in the

genus *Rosa* [J]. BioMed Central Evolutionary Biology, 2020,20(1): 1-14.

[6] Jin J, Yu W, YANG J, et al. GetOrganelle: A fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes[J]. Genome Biology.2020,21:241.

[7] Wick R. Bandage: Interactive visualization of de novo genome assemblies [J]. Bioinformatics, 2015, 31 (20), 3350-3352.

[8] Shi L C. CPGAVAS2, an integrated plastome sequence annotator and analyzer [J]. Nucleic Acids Research, 2019,47,W65-W73.

[9] Greiner S. OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: Expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes[J].Nucleic Acids Research.2019,47, W59-W64.

[10] Sharp P M, Li W H. The codon adaptation index—A measure of directional synonymous codon usage bias, and its potential applications[J].Nucleic Acids Research, 1987,15,1281-1295.

[11] Beier S,Thiel T,Munch T. MISA-web: A web server for microsatellite prediction [J]. Bioinformatics, 2017, 33, 2583-2585.

[12] Kurtz S, houdhuri J V, Ohlebusch E, et al. REPuter: The manifold applications of repeat analysis on a genomic scale [J]. Nucleic Acids Research, 2001, 29, 4633-4642.

[13] Frazer K A. VISTA: Computational tools for comparative genomics[J].Nucleic Acids Research,2004,32,W273-W279.

[14] Darling A, Mau B. Mauve: Multiple alignment of conserved genomic sequence with rearrangements [J]. Genome Research,2004,14(7):1394-1403.

[15] Katoh K, Standley D M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability [J]. Molecular Biology and Evolution,2013,30,772-780.

[16] Nguyen L T. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies [J]. Molecular Biology and Evolution, 2014, 32, 268-274.

[17] 田春育，李志勇，刘倩.苜蓿属不同物种叶绿体基因组结构比较及亲缘关系分析[J].中国草地学报，2021,43(10):1-8.

[18] 冯展，江媛.肉苁蓉属植物叶绿体基因组密码子偏好性分析[J].中草药，2023,54(5):1540-1550.

[19] Nie X J, Deng P C, Feng K W, et al. Comparative analysis of codon usage patterns in chloroplast genomes of the Asteraceae family [J]. Plant Molecular Biology Report,2014,32(4):828-840.

[20] 兰进茂，覃瑞，夏婧.华蟹甲的简化基因组测序及SSR引物开发[J].中南民族大学学报(自然科学版)，2021,40(3):258-263.

[21] Kress W J, Erickson D L. A two-locus global DNA barcode for land plants: The coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region [J]. Public Library of Science One,2007,2(6):e508-e512.

[22] 江转转，陈红.狼尾草属叶绿体基因组特征与分子标记开发[J].浙江农林大学学报，2024,42(x):1-9

[23] 王银环.豆科的叶绿体系统发育基因组学[D].昆明：云南大学, 2017.

[24] Liu J, Gao L M, Li D Z, et al. Integrating a comprehensive DNA barcode reference library with a global map of yews (*Taxus* L.) for forensic identification[J]. Molecular Ecology Resources,2018,18(4):814-827.

[25] 毕光耀，丁怡宁，王丽，等.洋金花与木本曼陀罗叶绿体基因组特征与系统进化分析[J].中草药，2022,53(22):7191-7200.

[26] 赵鹏宇，赵威，侯智扬，等.黄背草与2种菅属植物叶绿体基因组特征比较及系统发育分析[J].中草药，2023,54(10):3261-3272.

[27] 周军辉，高晓敏，李莎莎，等.细辛叶绿体基因组结构特征与系统进化分析[J].中草药，2023,54(24):8191-8199.

[28] Li M. The genome of *Vicia sativa* ssp. amphicarpa provides insights into the role of terpenoids in antimicrobial resistance within subterranean fruits [J]. The Plant Journal.2024.119(6):2654-2671.

[29] Shen C. Ancient large-scale gene duplications and diversi fi cation in bryophytes illuminate the plant terrestrialization [J]. New Phytologist, 2025, 245 (3): 2292-2308.

[30] Jansen R K, Wojciechowski M F, Sanniyasi E, et al. Complete plastid genome sequence of the chickpea (*Cicer arietinum*) and the phylogenetic distribution of rps12 and clpP intron losses among legumes (Leguminosae) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2020, 21(1), 1-18

[31] Jiao Y X, He X F, Song R, et al. Recent structural variations in the Medicago chloroplast genomes and their horizontal transfer into nuclear chromosomes[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2023(4): 627-642.

（责编&校对　姚春娜）