

安息香科叶绿体基因组进化分析

蒋孝禹, 许晓岗*

(南京林业大学 生命科学学院, 江苏 南京 210037)

摘 要: 安息香科(*Styracaceae*)包括 12 个属约 180 种, 广泛分布于亚洲东部和南美洲热带地区, 只有一小部分分布于地中海沿岸。安息香科植物普遍具有重要的经济价值, 可用于药用芳疗、庭院观赏、油料及工业建材。自 1829 年由 Dumortier 建立安息香科以来, 安息香科内的属间与属内系统关系一直存在争议, 如银钟花属 *Halesia* 和长果安息香属 *Changiosyrax* 等。以上现象主要是基于形态分类造成的误差, 因此必须寻求更精准的系统发育研究方法。而叶绿体基因组(*Chloroplast genome*)具有小体积、单系遗传、低核苷酸替代率以及高度保守性等特点, 被广泛应用于植物系统发育关系的研究。在本研究中, 完成了安息香科 3 属 17 种植物 cp DNA 的测序, 并结合 NCBI 公开的其余 10 属 33 种安息香科 cpDNA 进行了比较基因组分析。在 50 个安息香科叶绿体全基因组和 64 个共同编码序列(*Coding sequences*)的基础上, 重建了安息香科植物系统发育树, 估算了安息香科的分化时间。并结合安息香科数量分类与系统发育分析结果, 明确了安息香科的属间属内系统位置关系, 推测其演化历程。本研究的主要内容和结果如下: (1)安息香科叶绿体基因组平均大小为 157,987 bp, 平均 GC 含量为 37.04%。安息香科植物密码子的 ENC 平均值为 46.47, 其密码子的使用偏性较低且主要受到自然选择影响, CUU、GCU、UAU 和 GAA 是 50 个安息香科植物共有的最优密码子。安息香科植物叶绿体基因组具有较高的共线性, 是相对高度保守的基因序列。(2)开发了 10 个安息香科叶绿体高变区域。包括位于 LSC 区的 *trnG-trnR*、*rpoCl-rpoC2*、*rpoB*、*petN-psbM*、*psbD-psbC*、*psbH-petB* 基因以及位于 IR 区的 *rpl22-rpl2*、*rn5-rrn23*、*trnI*、*trnL* 基因, 可为安息香科物种鉴定、育种方向、系统进化和群体遗传等研究提供科学依据。(3)基于 12 属 50 个安息香科植物叶绿体全基因组和 64 个共有 CDS 序列, 重建安息香科系统发育树并验证了拓扑结构。安息香科主要分为 4 个分支: *Styrax* 分支, *Huodendron* 分支, *Alniphyllum-Bruinsmia* 分支以及 *Parastyrax-Sinojackia* 分支。其中, *Styrax* 分支是最早的分化系, 并与安息香科其他成员构成姐妹类群。通过分歧时间估算, 确定安息香科的起源分化时间为 61 Mya。(4)基于形态数据与叶绿体基因组提出安息香科属间的位置框架。支持安息香属(*Styrax*)、白辛树属(*Pterostyrax*)、秤锤树属(*Sinojackia*)、山茉莉属(*Huodendron*)与陀螺果属(*Meliiodendron*)为单系支。赤杨叶属(*Alniphyllum*)与歧序安息香属(*Bruinsmia*)聚成一个进化支, 并与茉莉果属(*Parastyrax*)系统位置靠近, 银钟花属(*Perkinsiodendron*)与木瓜红属(*Rehderodendron*)聚成一个进化支, 并与长果安息香属(*Changiosyrax*)系统位置靠近。北美银钟花属(*Halesia*)的科内位置关系应与陀螺果属靠近。(5)通过对安息香科植物形态特征分析, 确定花器官性状可作为安息香科内首要的分类指标, 安息香科植物的花器官

外在性状特征差异较大，能为安息香科的分类问题提供有力依据，其次是果实性状特征与叶片性状特征。综上所述，安息香科植物在进化历程中受自然选择较强，对环境敏感，研究得到的比较基因组学数据，能为安息香科植物的选育良种或定向培育工作提供有价值的信息和资源。在本研究中，重建了安息香科的系统发育关系，并进一步明确了安息香科各属之间的演化关系，更新了安息香科内的分化时间，将各属的分化时间清晰地整理出来，为安息香科的系统发育研究提供了新见解，亦为安息香科在农业、园艺等领域的应用提供有利用价值的信息。

关键词：安息香科；叶绿体基因组；比较基因组；系统发育；数量分类