

入侵植物瘤突苍耳和近缘物种假苍耳的叶绿体基因组特征分析与系统进化研究

曾慧宇^{1,3}, 王维斌^{2,3}, 曲波^{1,3}

(1 沈阳农业大学生物科学与技术学院, 沈阳 110866; 2 沈阳农业大学植物保护学院, 沈阳 110866; 3 辽宁省生物入侵与全球变化重点实验室, 沈阳 110866)

摘要: 瘤突苍耳 (*Xanthium strumarium*) 是一种广泛入侵世界温带地区的植物, 它威胁着入侵地的人类健康、经济生产和生物多样性。假苍耳 (*Cyclachaena xanthiifolia*) 是危害农田生态系统和人类健康的严重入侵植物之一。它们具有相似的形态特征, 是菊科近缘物种。然而, 瘤突苍耳和假苍耳的叶绿体基因组信息非常有限, 不利于系统发育分析和进化研究。【目的】为明确瘤突苍耳和假苍耳的叶绿体基因组信息与系统进化关系。【方法】本研究基于高通量测序技术, 对沈阳地区的瘤突苍耳和假苍耳的叶绿体全基因组进行测序, 对该两种入侵种及苍耳属和豚草属的叶绿体基因组结构和组成以及系统发育关系进行了分析。【结果】瘤突苍耳的叶绿体基因组总长为 151619 bp, 其中小单拷贝区 (SSC) 为 18060 bp, 大单拷贝区 (LSC) 为 83423 bp, 由一对长 25068 bp 的反向重复序列 (IRa, IRb) 分隔。假苍耳的叶绿体基因组序列全长 151876 bp, 其中 SSC 长 21607 bp, LSC 长 83607 bp, 由一对长 23331 bp 的反向重复序列 (IRa, IRb) 分隔。瘤突苍耳的叶绿体基因组共包含 134 个基因, 其中 87 个蛋白编码基因, 39 个 tRNA 基因, 8 个 rRNA 基因。假苍耳的叶绿体基因组共包含 132 个基因, 其中 87 个蛋白编码基因, 37 个 tRNA 基因, 8 个 rRNA 基因。瘤突苍耳和假苍耳叶绿体基因组序列中共鉴定出 214/108 个简单重复序列和 61/64 个 SSR 位点, 均以单核苷酸重复和二核苷酸重复为主, 以 A 或 T 碱基重复居多。在本研究中, 苍耳属植物序列同源性较高, 非编码区序列变异高于基因编码区序列变异。【结论】瘤突苍耳与本地种苍耳 (*X. sibiricum*) 亲缘关系最密切, 其次是中国另一种有害入侵植物刺苍耳 (*X. spinosum*)。假苍耳 (*C. xanthiifolia*) 是苍耳属 (*Xanthium*) 和豚草属 (*Ambrosia*) 的姐妹分支, 其 bootstrap 值达到 100, 相对更接近于豚草属 (*Ambrosia*)。该研究结果有助于了解苍耳属植物和假苍耳的进化, 并为进一步揭示瘤突苍耳和假苍耳的入侵机制提供更多信息。

关键词: 意大利苍耳; 假苍耳; 外来入侵植物; 叶绿体基因组; 系统发育