

龚意辉, 谢雪阳, 魏媛媛, 等. 金冠 8-18 油桃叶绿体全基因组序列特征及其系统发育[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(19): 30-36.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.19.005

金冠 8-18 油桃叶绿体全基因组序列特征及其系统发育

龚意辉, 谢雪阳, 魏媛媛, 周桂花, 李丽梅, 曾永贤

(湖南人文科技学院农业与生物技术学院, 湖南娄底 417000)

摘要:以金冠 8-18 油桃为试材, 利用 Illumina NovaSeq 6000 测定金冠 8-18 的 DNA 序列, 采用 SPAdes v3.10.1 软件组装叶绿体基因组, 以桃树叶绿体基因组(MZ673795.1)为参考序列, 对金冠 8-18 叶绿体基因组序列特征及其系统发育地位进行研究。结果表明:金冠 8-18 叶绿体基因组长度为 153 754 bp, 包括大单拷贝区(LSC, 85 923 bp), 小单拷贝区(SSC, 19 100 bp)以及 2 个反向重复序列(IR, 26 381 bp), AT 和 GC 总含量分别为 63.23%、36.77%。共在金冠 8-18 叶绿体基因组中注释到 133 个基因, 其中含编码基因(CDS)、转运 RNA 基因、核糖体 RNA 基因、假基因数分别为 84、37、8、4 个。按照功能分类将基因分成 4 类:光合作用相关基因共 44 个、自我复制相关基因共 58 个、其他基因共 5 个、未知功能基因 6 个, 其中含 1 个和 2 个内含子的基因数分别为 14、3 个。共鉴定出 251 个 SSR 位点, 包括 158 个单核苷酸重复位点, 93 个复合核苷酸重复位点。系统发育分析表明:金冠 8-18 与桃树(MH169125.1)的亲缘关系最近。本研究丰富了金冠 8-18 遗传资源信息, 为油桃品种鉴定、遗传育种和系统发育研究提供了分子依据和理论支撑。

关键词:油桃; 叶绿体基因组; 组装; SSR 位点; 系统发育

中图分类号:S662.101 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)19-0030-07

叶绿体是普遍存在于高等植物中的一种重要质体, 通过光合作用合成植物正常生长所需的营养物质和能量。叶绿体作为半自主的细胞器, 具有完整的遗传信息表达系统。高等植物的叶绿体基因组高度保守, 是一个典型的四分体结构, 包括 1 个大单拷贝区(large single copy region, LSC), 1 个小单拷贝区(small single copy region, SSC), 反向重复区 a (inverted repeat region a, IRa) 和反向重复区 b (inverted repeat region b, IRb)^[1]。叶绿体基因组遗传特性与核基因组不一样, 常表现出单亲遗传; 叶绿体基因组相比于核基因组和线粒体基因组在基因类型、基因结构上更加保守^[2]。因此, 叶绿体基因组已成为分析植物系统发育地位的重要研究手段之一^[3-5]。随着生物信息学技术和三代测序技术的快速发展, 已有较多学者利用叶绿体基因组开展

植物进化分析, 例如在苹果(*Malus domestica*)、芒果(*Mangifera indica*)、草莓(*Fragaria × ananassa*)、蓝莓(*Vaccinium* spp.)、葡萄(*Vitis vinifera*)、辣椒(*Capsicum annuum*)、露兜树(*Pandanus tectorius*)、高粱泡(*Rubus lambertianus*)、沙枣(*Elaeagnus angustifolia*)等物种中开展了植物叶绿体基因组结构和进化分析, 为研究植物物种鉴定、性状改良、优化外源基因表达效率等方面提供重要的分子依据^[6-14]。

油桃(*Prunus persica*)属蔷薇科(Rosaceae)桃属, 是普通桃的一个变种, 已有 2 000 多年的种植历史^[15]。油桃具有味道鲜美、香气扑鼻、色泽鲜艳、质地脆甜等特点而深受国内外消费者的青睐^[16]。其果实含有大量的胡萝卜素、花青素、多种人体必需氨基酸种类、维生素 C 等营养物质, 在国内外市场中具有较高的营养保健价值和经济价值。金冠 8-18 是近年来培育出的油桃新品种, 其果实近圆形、扁平、微凹、茸毛少、果肉坚硬、耐贮藏、果实套袋后色泽金黄, 单果质量约 200~250 g, 最大果实可达 400 g。目前, 国内外学者主要从果实裂果、绿色高效栽培技术、果实品质调控等方面开展油桃相关研究^[17-19], 但对金冠 8-18 油桃的研究相对较少, 尤其是有关金冠 8-18 叶绿体基因组研究尚未见报

收稿日期:2022-12-06

基金项目:湖南省科技特派员服务乡村振兴项目(编号:2022NK4218);湘潭市农业科学研究所横向项目(编号:380220590112)。

作者简介:龚意辉(1988—), 男, 湖南涟源人, 博士, 从事果实分子生物学方向研究。E-mail:gyhzhgh@163.com。

通信作者:曾永贤, 高级农艺师, 从事果蔬分子生物学方向研究。
E-mail:1123346336@qq.com。

道,开展金冠 8-18 叶绿体基因组分析不仅可以丰富油桃品种的遗传信息,而且还可通过分子标记开展金冠 8-18 品种改良研究。本研究对金冠 8-18 叶片进行基因组 DNA 提取,采用 Illumina NovaSeq 6000 对金冠 8-18 叶绿体基因组进行测序、组装和注释,并采用生物信息学软件对金冠 8-18 叶绿体基因组特征、简单重复序列(SSR)位点及其系统发育进行分析,以期对油桃品种鉴定、遗传育种和系统发育研究提供分子依据和理论支撑。

1 材料与方法

1.1 金冠 8-18 DNA 的提取

2021 年 6 月 20 日在湖南水云峰农业科技股份有限公司基地采集金冠 8-18 新鲜幼叶,采用宝日医生物技术(北京)有限公司提供的 DNA 试剂盒(D9194)对金冠 8-18 全基因组 DNA 进行提取,利用凝胶电泳检测 DNA 样品的纯度和质量。

1.2 叶绿体基因组测序组装分析

挑选金冠 8-18DNA 纯度和含量符合要求的样品送至南京集思慧远生物科技有限公司,采用 Illumina NovaSeq 6000 对其叶绿体基因组进行测序、组装和注释分析。以与金冠 8-18 亲缘关系相近的桃树叶绿体基因组(MZ673795.1)为参考序列。首先采用 SPAdesv3.10.1 软件对金冠 8-18 叶绿体基因组序列进行组装^[20],然后分别使用 Prodigal v2.6.3 (<https://www.github.com/hyatt/Prodigal>)、RNAmmer 1.2 Server (<http://www.cbs.dtu.dk/services/RNAmmer/>)、tRNAscan-SE (<http://lowelab.ucsc.edu/tRNAscan-SE/>)对金冠 8-18 叶绿体的 CDS、rRNA、tRNA 进行预测分析,并使用 BLAST v2.6 软件(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)对注释结果进行校正,并将校正后的结果采用 OGDRAW (<https://chlorobox.mpimg.de/OGDraw.html>)制图分析。再使用 MISA v1.0 (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/misa.html>)分析金冠 8-18 叶绿体全基因组 SSR 位点,Find repeats 工具获得桃树、梨树、杨梅、苹果等 8 种基因组的 IR、LSC、SSC 序列,最后使用 MAFFT 7.427 软件(auto 模式)进行多序列比对,将比对结果用 RAxML 8.2.10 (<https://cme.h-its.org/exelixis/software.html>)软件,选用 GTRGAMMA 模型进行 rapid bootstrap 分析,bootstrap = 1 000,构建最大似然进化树。金冠 8-18 叶绿体基因组序列在 NCBI 数

据库中已公布,其登录号为 OL449945.1。

2 结果与分析

2.1 油桃叶绿体基因组特征

本研究以桃树 MZ673795.1 叶绿体基因组为参考,对金冠 8-18 叶绿体基因组序列进行组装和注释,获得金冠 8-18 叶绿体基因组大小为 153 754 bp 的全长序列(图 1、表 1)。金冠 8-18 叶绿体基因组含有 1 个 LSC、1 个 SSC 和 1 对 IR(IRa 和 IRb)的 4 分体结构,其长度分别为 85 923、19 100、26 381 bp。A、T、C、G 在金冠 8-18 叶绿体基因组中的含量分别为 31.12%、32.11%、18.78%、17.99%,AT 含量占碱基总数的 63.23%,远高于 GC 含量(36.77%)。在金冠 8-18 叶绿体基因组中共注释到 133 个基因,包括 84 个蛋白编码基因(CDS),37 个转运 RNA 基因(tRNAs),8 个核糖体 RNA 基因(rRNAs),4 个假基因(pseudo)。GC 碱基含量在 LSC、SSC 和 IR 区中所占比重分别为 34.61%、30.40% 和 42.58%,AT 含量分别为 65.39%、69.60% 和 57.42%。并且 LSC 和 SSC 区域中的 GC 比重明显低于 IR 区。

对金冠 8-18 注释到的基因进行功能分类,包括 44 个光合作用相关基因(photosynthesis genes)、58 个自我复制基因(self-replication genes)、5 个其他基因(other genes)、6 个未知功能基因(genes of unknown function)(表 2)。在金冠 8-18 叶绿体全基因组中共有 17 个双拷贝基因和 1 个四拷贝基因。包括 1 个 NADH 脱氢酶亚基基因(*ndhB*)、4 个自我复制基因(*rpl2*、*rpl23*、*rps12*、*rps7*)、4 个 rRNA 基因(*rrn16*、*rrn23*、*rrn4.5*、*rrn5*)、6 个 tRNA 基因(*trnA-UGC*、*trnI*、*trnL-CAA*、*trnN-GUU*、*trnR-ACG*、*trnV-GAC*)、2 个未知功能蛋白基因(*ycf15*、*ycf2*)、四拷贝基因为 *trnM-CAU*。在金冠 8-18 叶绿体全基因组中所注释到大部分基因不含内含子,只有少数基因含有 1 个和 2 个内含子。其中 *ndhA*、*petB*、*petD*、*atpF*、*rpl2*、*rpl22*、*rps16*、*rpoC1*、*trnA-UGC*、*trnI*、*trnK-UUU*、*trnL-UAA*、*trnS-CCA*、*trnV* 基因只有 1 个内含子,含 2 个内含子的基因分别为 *rps12*、*clpP*、*ycf3*。共在金冠 8-18 叶绿体全基因组中检测出 4 个假基因,分别为 *rps19*、*ycf1*、*ycf15*(2)。值得注意的是,需进一步利用分子技术手段对金冠 8-18 叶绿体基因组中鉴定出的 6 个未知功能基因进行功能分析。

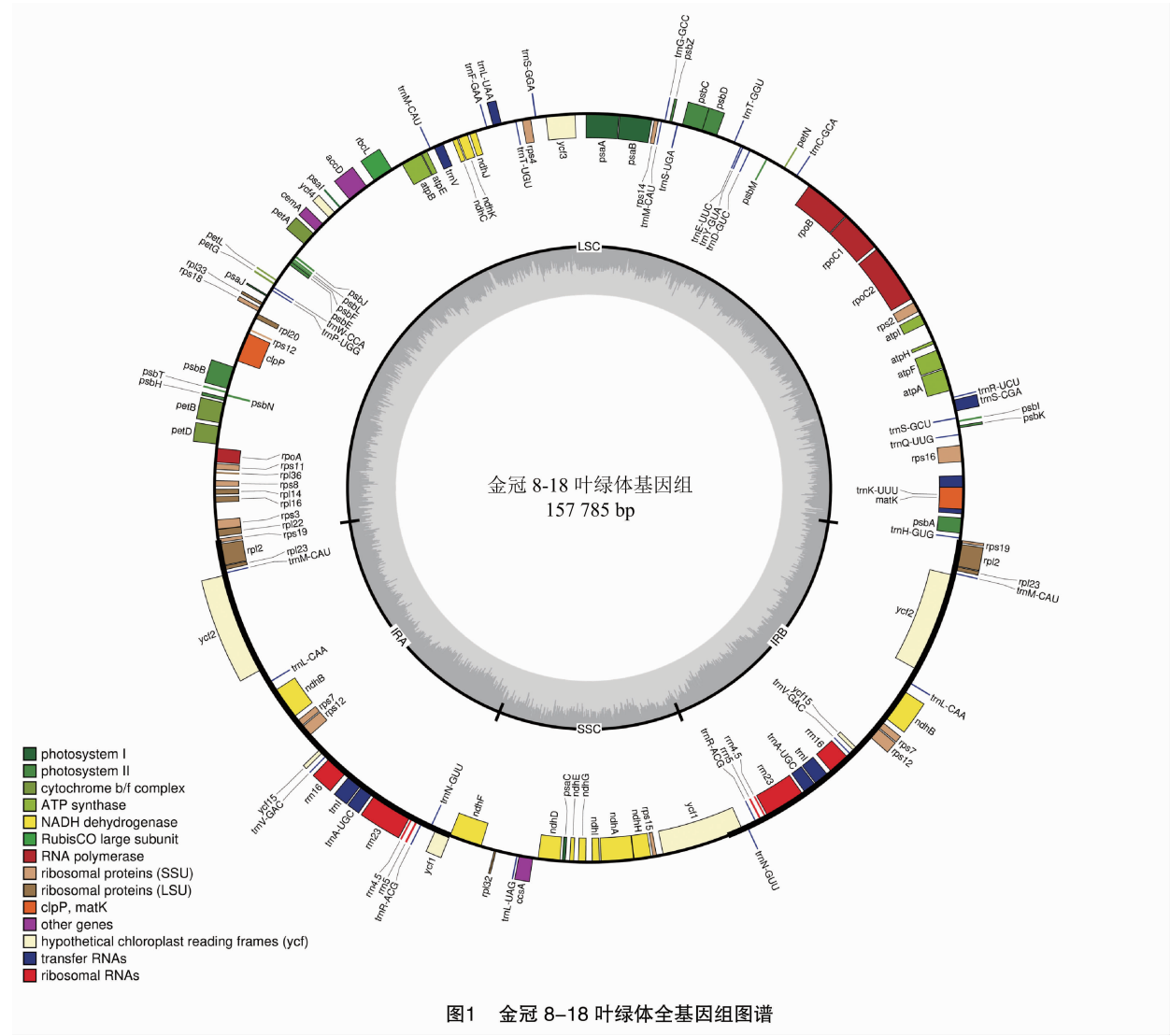


表 1 金冠 8-18 叶绿体基因组的详细特征

类别	条目	数值
叶绿体基因组结构	大单拷贝区 (bp)	85 923
	小单拷贝区 (bp)	19 100
	反向重复区 (bp)	26 381
	基因组大小 (bp)	157 785
	基因总数 (个)	133
基因组成	编码基因数 (个)	84
	tRNAs (个)	37
	rRNAs (个)	8
	假基因 (个)	4
	其他基因 (个)	1
GC 含量	大单拷贝区 GC 含量 (%)	34.61
	反向重复区 GC 含量 (%)	42.58
	小单拷贝区 GC 含量 (%)	30.40
	平均 GC 含量 (%)	35.86
单碱基含量	A (%)	31.12
	T (%)	32.11
	C (%)	18.78
	G (%)	17.99

2.2 金冠 8-18 叶绿体基因组 SSR 位点分析

使用 MISA v1.0 软件对金冠 8-18 的 SSR 位点进行分析(表 3)。总共在金冠 8-18 叶绿体基因组中找到 251 个符合条件的 SSR 位点。分布在 LSC、SSC、IR 区域的 SSR 位点数量分别为 168、44、39 个,分别占总 SSR 位点数比例为 66.9%、17.5%、15.5%。在 LSC 区域中,分别位于外显子区(exon)、内含子区(intron)、基因间隔区(intergenic)的 SSR 位点数为 36、33、99 个,在 SSC 区域中,分别位于外显子、内含子、基因间隔区有 28、4、12 个,在 IR 区域中,分别位于外显子、内含子、基因间隔区的有 21、4、14 个;单碱基重复、复合碱基重复分别为 158、93 个。

2.3 金冠 8-18 叶绿体基因组 IR 区边界比较分析

将金冠 8-18 通过与 2 个桃树品种(*Prunus persica*, MH169125.1、HQ336405.1)、李树(*Prunus*

表 2 金冠 8-18 叶绿体基因组编码的基因

基因分类	基因分组	基因名称
光合作用 相关基因	光系统 I 的亚基	<i>psaA</i> 、 <i>psaB</i> 、 <i>psaC</i> 、 <i>psaI</i> 、 <i>psaJ</i>
	光系统 II 的亚基	<i>psbA</i> 、 <i>psbB</i> 、 <i>psbC</i> 、 <i>psbD</i> 、 <i>psbE</i> 、 <i>psbF</i> 、 <i>psbH</i> 、 <i>psbI</i> 、 <i>psbJ</i> 、 <i>psbK</i> 、 <i>psbL</i> 、 <i>psbM</i> 、 <i>psbN</i> 、 <i>psbT</i> 、 <i>psbZ</i>
	NADH-脱氢酶的亚基	<i>ndhA</i> [*] 、 <i>ndhB</i> [*] (2)、 <i>ndhC</i> 、 <i>ndhD</i> 、 <i>ndhE</i> 、 <i>ndhF</i> 、 <i>ndhG</i> 、 <i>ndhH</i> 、 <i>ndhI</i> 、 <i>ndhJ</i> 、 <i>ndhK</i>
	细胞色素 b/f 复合物的亚基	<i>petA</i> 、 <i>petB</i> [*] 、 <i>petD</i> [*] 、 <i>petG</i> 、 <i>petL</i> 、 <i>petN</i>
	ATP 合酶亚基	<i>atpA</i> 、 <i>atpB</i> 、 <i>atpE</i> 、 <i>atpF</i> [*] 、 <i>atpH</i> 、 <i>atpI</i>
	二磷酸核酮糖羧合酶/ 羧化酶亚基	<i>rbcL</i>
自我复制 相关基因	核糖体大亚基	<i>rpl14</i> 、 <i>rpl16</i> 、 <i>rpl2</i> [*] (2)、 <i>rpl20</i> 、 <i>rpl22</i> [*] 、 <i>rpl23</i> (2)、 <i>rpl32</i> 、 <i>rpl33</i> 、 <i>rpl36</i> # <i>rps19</i> 、 <i>rps11</i> 、 <i>rps12</i> ^{**} (2)、 <i>rps14</i> 、 <i>rps15</i> 、 <i>rps16</i> [*] 、 <i>rps18</i> 、 <i>rps19</i> 、 <i>rps2</i> 、 <i>rps3</i> 、 <i>rps4</i> 、 <i>rps7</i> (2)、 <i>rps8</i>
	核糖体小亚基	(2)、 <i>rps8</i>
	DNA 依赖性 RNA 聚合酶	<i>rpoA</i> 、 <i>rpoB</i> 、 <i>rpoC1</i> [*] 、 <i>rpoC2</i>
	rRNA	<i>rrn16</i> (2)、 <i>rrn23</i> (2)、 <i>rrn4</i> .5(2)、 <i>rrn5</i> (2)
	tRNA	<i>trnA</i> - <i>UGC</i> [*] (2)、 <i>trnC</i> - <i>GCA</i> 、 <i>trnD</i> - <i>GUC</i> 、 <i>trnE</i> - <i>UUC</i> 、 <i>trnF</i> - <i>GAA</i> 、 <i>trnG</i> - <i>GCC</i> 、 <i>trnH</i> - <i>GUG</i> 、 <i>trnI</i> [*] (2)、 <i>trnK</i> - <i>UUU</i> [*] 、 <i>trnL</i> - <i>CAA</i> (2)、 <i>trnL</i> - <i>UAA</i> [*] 、 <i>trnL</i> - <i>UAG</i> 、 <i>trnM</i> - <i>CAU</i> (4)、 <i>trnN</i> - <i>GUU</i> (2)、 <i>trnP</i> - <i>UGG</i> 、 <i>trnQ</i> - <i>UUG</i> 、 <i>trnR</i> - <i>ACG</i> (2)、 <i>trnR</i> - <i>UCU</i> 、 <i>trnS</i> - <i>CGA</i> [*] 、 <i>trnS</i> - <i>GCU</i> 、 <i>trnS</i> - <i>GGA</i> 、 <i>trnS</i> - <i>UGA</i> 、 <i>trnT</i> - <i>GGU</i> 、 <i>trnT</i> - <i>UGU</i> 、 <i>trnV</i> [*] 、 <i>trnV</i> - <i>GAC</i> (2)、 <i>trnW</i> - <i>CCA</i> 、 <i>trnY</i> - <i>GUA</i>
其他基因	成熟酶基因	<i>matK</i>
	蛋白酶基因	<i>clpP</i> ^{**}
	包膜蛋白基因	<i>cemA</i>
	乙酰-CoA-羧化酶的亚基	<i>accD</i> <i>ccsA</i>
未知功能基因	假定叶绿体阅读框	# <i>ycf1</i> 、# <i>ycf15</i> (2)、 <i>ycf1</i> 、 <i>ycf2</i> (2)、 <i>ycf3</i> ^{**} 、 <i>ycf4</i>

注：* 表示基因含有 1 个内含子；** 表示基因含有 2 个内含子；#表示假基因；基因名称后括号表示拷贝数大于 1 的基因，括号中数据为其拷贝数。

表 3 金冠 8-18 叶绿体基因组 SSR 位点分布							个
区域	SSR 位点	外显子	内含子	基因间隔	单碱基	复合碱基	
LSC	168	36	33	99	109	59	
SSC	44	28	4	12	32	12	
IR	39	21	4	14	17	22	

armeniaca, MK645899. 1)、杨梅(*Prunus salicina*, MW406460. 1)、梨树(*Pyrus pyrifolia*, AP012207. 1)、石斑木(*Rhaphiolepis bibas*, MN577877. 1)、土库曼斯坦苹果(*Malus sieversii* var. *turkmenorum*, NW018864. 1)等不同植物进行叶绿体基因组 IR 区边界比较分析(图 2),发现这 8 种植物叶绿体基因组全长范围为 157 566~160 139 bp,基因具有相对保守性。*rpl22* 基因完全位于 LSC 区域,金冠 8-18、2 个桃树品种、李树、杨梅距离连接区域的长度分别为 226、426、426、426、426 bp。*rps19* 基因在金冠 8-18、2 个桃树品种、李树、杨梅、梨树、石斑木、土库曼斯坦苹果中 LSC 区分别扩增并产生 97、97、97、89、93、159、156、165 bp,而在 IRb 区域内分别扩增并产生 182、182、182、190、186、120、123、114 bp;金冠 8-18 中

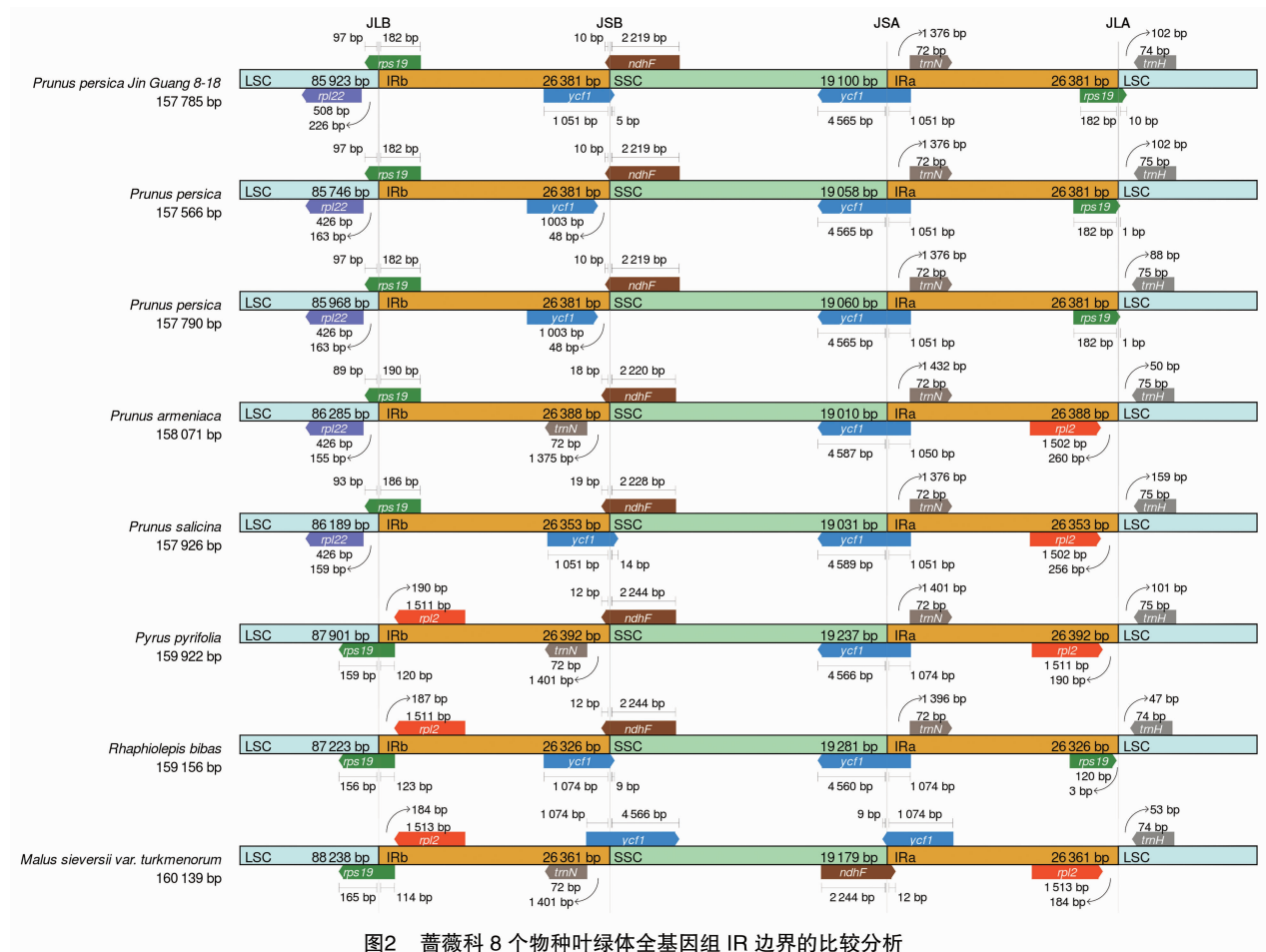
的 *ycf1* 基因在 IRa、IRb 区域内扩增 1 051 bp,在 SSC 区域内扩增 5 bp。*ndhf* 基因在金冠 8-18、2 个桃树品种、李树、杨梅、梨树、石斑木中 IRb 区域分别扩增 10、10、10、18、19、12、12 bp,而在 SSC 区域分别扩增 2 219、2 219、2 219、2 220、2 228、2 244、2 244 bp;金冠 8-18、2 个桃树品种、李树、杨梅、梨树、石斑木中的 *trnN* 基因全部位于 IRa 区域。8 个物种中的 *trnH* 基因全部位于 LSC 区域内。

2.4 金冠 8-18 叶绿体基因组系统发育分析

挑选 30 个蔷薇科物种的叶绿体基因组与金冠 8-18 进行系统发育分析(图 3)。进化树分析表明,金冠 8-18 与桃树(MH169125. 1)处于同一分支,说明金冠 8-18 与桃树的亲缘关系最近,并与桃属聚为大类,说明金冠 8-18 属于蔷薇科桃属植物。此外,金冠 8-18 与蔷薇科其他属相距较远,说明其亲缘关系较远。

3 结论与讨论

本研究采用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台首次完成了金冠 8-18 的叶绿体基因组测序,采用



SPAdes v3.10.1 软件对金冠 8-18 的原始数据进行组装。金冠 8-18 叶绿体基因组结构与枇杷 (*Eriobotrya japonica*)、瑞冠 18 油桃品种、黄晶果 (*Pouteria caimito*) 等植物叶绿体基因组结构相似, 具有典型的 LSC、SSC、IRa、IRb 结构^[21-23]。金冠 8-18 叶绿体基因组大小属于蔷薇科植物叶绿体基因组全长范围之内。一般来说, 大多数高等植物的叶绿体基因组大小介于 120 ~ 180 kb 之间, 注释到的基因数介于 100 ~ 200 个之间, 其中含 70 ~ 80 个 CDS 基因, 30 ~ 32 个 tRNA 基因, 4 个 rRNA 基因。例如, 枇杷叶绿体基因组全长为 157 494 bp, 共编码 129 个基因, 其中 CDS 基因、tRNA 基因、rRNA 基因分别为 84、37、8 个^[21]。甘蓝型油菜 (*Brassica napus*) 叶绿体基因组全长为 152 860 bp, 注释到 113 个基因, 其中含 79 个 CDS 基因、30 个 tRNA 基因和 4 个 rRNA 基因^[24]。金冠 8-18 全长介于甘蓝型油菜和枇杷之间, 为 153 754 bp, 共注释到 133 个基因, 其中 CDS 基因、tRNA 基因、rRNA 基因、假基因分别为 84、37、8、4 个。本研究中金冠 8-18 的 IRa

和 IRb 区为 26 381 bp, 其 GC 含量比 LSC 和 SSC 中的含量均高, 为 42. 58%, 与欧地笋 (*Lycopus europaeus* Linn.)、蒺藜 (*Polygonum aviculare*) 等植物叶绿体基因组相一致^[25-26], 可能是 AT 在 IR 区域中 rRNA 序列中含量低而导致该区域中的 GC 所占比例均高于 LSC 和 SSC。

SSR 位点分析在辅助植物育种、种群分析、多态性分析等方面的研究起着很好的应用价值^[27-28]。目前,已在石榴 (*Punica granatum*)、龙眼 (*Dimocarpus longan* Lour)、枣 (*Ziziphus jujuba* Mill.)、芒果 (*Mangifera indica*)、香蕉 (*Musa acuminata*) 等果树品种中开展了 SSR 位点分析^[29-33]。本研究发现金冠 8-18 叶绿体基因组共有 251 个 SSR 位点,有 158 个单碱基重复,以 A/T 碱基重复为主,说明 SSR 位点偏好使用 A/T,这与荷花玉兰 (*Magnolia grandiflora*)、狗枣猕猴桃 (*Actinidia kolomikta*)、草果 (*Amomum tsaoko*)、金花茶 (*Camellia petelotii*) 等植物叶绿体基因组中的 SSR 位点分析结果相符^[34-37]。复合核苷酸有 93 个,以

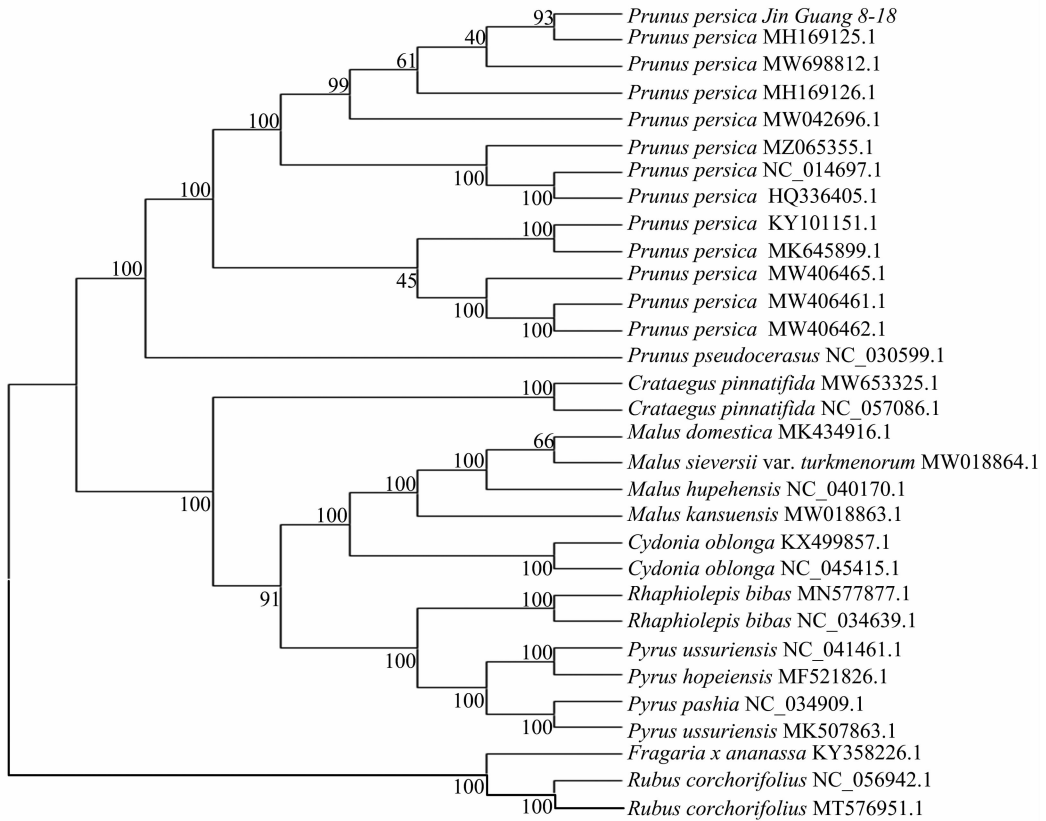


图3 基于最大似然法构建的金冠 8-18 与 30 个蔷薇科物种的系统发育树

ATA、TAT、TTA、TAA 为主。而 Yan 等研究发现,石榴叶绿体基因组中的 SSR 位点主要以 TAA、TTC 重复单元为主^[29]。金冠 8-18 大部分 SSR 位点位于 LSC 区中的基因间隔区,少数位于 SSC 和 IR 区中,这与露兜树叶叶绿体基因组 SSR 分析^[12]相符,表明 SSR 位点长度发生变异时,对金冠 8-18 叶绿体蛋白质影响较小,几乎不发生性状变异。金冠 8-18 叶绿体 SSR 位点的获得对进一步研究蔷薇科相关物种鉴定、遗传多样性分析和植物进化等方面具有重要的应用价值。

为进一步了解金冠 8-18 在蔷薇科中的系统发育地位,对已报道的 30 种蔷薇科叶绿体基因组与金冠 8-18 进行系统发育分析,其结果显示,金冠 8-18 与桃树 (MH169125.1) 亲缘关系最近,说明金冠 8-18 属于蔷薇科桃属植物。这一研究结果与 Liu 等研究发现的瑞冠 18 号油桃品种与桃树聚为一类,亲缘关系较近的结论^[22]相一致。本研究获得了金冠 8-18 的叶绿体基因组大小、结构、基因数量、SSR、系统发育树等特征信息,为今后开展油桃品种鉴定、性状改良和进化等研究提供了分子依据和理论支撑。

参考文献:

- [1] Trofimov D, Cadar D, Schmidt - Chanasit J, et al. A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven *Ocotea* species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the *Ocotea* complex[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 1120.
- [2] Jr B C W. Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes: mechanisms and evolution[J]. Proceedings of the National Academy of Science, 1995, 92(25): 11331 - 11338.
- [3] Zhai W, Duan X S, Zhang R, et al. Chloroplast genomic data provide new and robust insights into the phylogeny and evolution of the Ranunculaceae[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2019, 135: 12 - 21.
- [4] Chen Q, Wu X B, Zhang D Q. Phylogenetic analysis of *Fritillaria cirrhosa* D. Don and its closely related species based on complete chloroplast genomes[J]. PeerJ, 2019, 7: e7480.
- [5] Hong S Y, Cheon K S, Yoo K O, et al. Comparative analysis of the complete chloroplast genome sequences of three *Amaranthus* species [J]. Plant Genetic Resources, 2019, 17(3): 245 - 254.
- [6] Yan M, Zhao X Q, Zhou J Q, et al. The complete chloroplast genome of cultivated apple (*Malus domestica* Cv. 'Yantai Fuji 8') [J]. Mitochondrial DNA, 2019, 4(1): 1213 - 1216.
- [7] Azim M K, Khan I A, Zhang Y. Characterization of mango (*Mangifera indica* L.) transcriptome and chloroplast genome[J]. Plant Molecular Biology, 2014, 85(1): 193 - 208.

- [8] Cheng H, Li J F, Zhang H, et al. The complete chloroplast genome sequence of strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) and comparison with related species of Rosaceae [J]. PeerJ, 2017, 5: e3919.
- [9] Kim Y, Shin J, Oh D R, et al. Comparative analysis of complete chloroplast genome sequences and insertion – deletion (indel) polymorphisms to distinguish five *Vaccinium* species [J]. Forests, 2020, 11(9): 927.
- [10] Guo D H, Li D M, Li H, et al. The complete chloroplast genome sequence of *Vitis vinifera* Muscat Hamburg [J]. Mitochondrial DNA, 2019, 5(1): 117 – 118.
- [11] Raveendar S, Na Y W, Lee J R, et al. The complete chloroplast genome of *Capsicum annuum* var. *glabriusculum* using illumina sequencing [J]. Molecules, 2015, 20(7): 13080 – 13088.
- [12] 吴民华, 邹振宇, 叶晓霞, 等. 露兜树叶绿体基因组结构与序列特征分析 [J]. 中药新药与临床药理, 2023, 34(1): 115 – 122.
- [13] 赵文植, 董章宏, 辛 静, 等. 高粱泡叶绿体基因组特征分析 [J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2022, 37(3): 435 – 446.
- [14] 王 婧, 王天翼, 王罗云, 等. 沙枣叶绿体全基因组序列及其使用密码子偏性分析 [J]. 西北植物学报, 2019, 39(9): 1559 – 1572.
- [15] Yoon J, Liu D C, Song W, et al. Genetic diversity and ecogeographical phylogenetic relationships among peach and nectarine cultivars based on simple sequence repeat (SSR) markers [J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2006, 131(4): 513 – 521.
- [16] Jayarajan S, Sharma R R, Sethi S, et al. Chemical and nutritional evaluation of major genotypes of nectarine (*Prunus persica* var. *nectarina*) grown in North – Western Himalayas [J]. Journal of Food Science and Technology, 2019, 56(9): 4266 – 4273.
- [17] 田玉命, 韩明玉, 张满让, 等. 油桃裂果研究进展 [J]. 果树学报, 2008, 25(4): 572 – 576.
- [18] 岳国玉, 李淑华, 白玉静, 等. 温室油桃优质高产栽培技术 [J]. 北方果树, 2007(2): 46 – 47.
- [19] 熊子璇, 吴志蒙, 黄 华, 等. 不同保鲜袋包装对采后油桃果实贮藏品质的影响 [J]. 包装工程, 2022, 43(3): 78 – 86.
- [20] Bankevich A, Nurk S, Antipov D, et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single – cell sequencing [J]. Journal of Computational Biology, 2012, 19(5): 455 – 477.
- [21] Huang J. Characterization of the complete chloroplast genome of *Eriobotrya japonica* in China and phylogenetic relationships [J]. Mitochondrial DNA, 2019, 4(1): 1367 – 1369.
- [22] Liu X, Zhang Y, Guo J Y, et al. The complete chloroplast genome sequence of cultivated peach (*Prunus persica* var. *nectarina* cv. Rui Guang 18) [J]. Mitochondrial DNA, 2021, 6(1): 208 – 210.
- [23] Tao L, Shi Z G, Long Q Y. Complete chloroplast genome sequence and phylogenetic analysis of a wild species of abiu fruit, *Pouteria caimito* (Ruiz & Pavon.) Radlk [J]. Mitochondrial DNA, 2021, 6(1): 138 – 139.
- [24] Hu Z Y, Hua W, Huang S M, et al. Complete chloroplast genome sequence of rapeseed (*Brassica napus* L.) and its evolutionary implications [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2011, 58(6): 875 – 887.
- [25] 杜 清, 王立强, 陈卓尔, 等. 欧地笋叶绿体全基因组序列特征及其系统发育分析 [J]. 药学报, 2022, 57(7): 2206 – 2215.
- [26] 胡赛文, 丁怡宁, 毕光耀, 等. 药用植物蕹蓴叶绿体基因组特征与系统进化分析 [J]. 中草药, 2022, 53(9): 2776 – 2785.
- [27] Song Y, Chen Y, Lv J Z, et al. Comparative chloroplast genomes of *Sorghum* species: sequence divergence and phylogenetic relationships [J]. BioMed Research International, 2019, 2019(5): 1 – 11.
- [28] 仇律雯, 杨 扬, 范亚明, 等. 国家东南区鲜食糯玉米品质及农艺性状与 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. 江苏农业科学, 2022, 50(18): 130 – 135.
- [29] Yan M, Zhao X Q, Zhou J Q, et al. The complete chloroplast genomes of *Punica granatum* and a comparison with other species in Lythraceae [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 20(12): 2886.
- [30] Wang K Y, Li L, Zhao M Z, et al. Characterization of the complete chloroplast genome of Longan (*Dimocarpus longan* Lour.) using illumina paired – end sequencing [J]. Mitochondrial DNA, 2017, 2(2): 904 – 906.
- [31] Huang J A, Chen R H, Li X G. Comparative analysis of the complete chloroplast genome of four known *Ziziphus* species [J]. Genes, 2017, 8(12): 340.
- [32] Niu Y F, Gao C W, Liu J. Complete mitochondrial genomes of three *Mangifera* species, their genomic structure and gene transfer from chloroplast genomes [J]. BMC genomics, 2022, 23(1): 1 – 8.
- [33] Martin G, Baurens F C, Cardic C, et al. The complete chloroplast genome of banana (*Musa acuminata*, Zingiberales): insight into plastid monocotyledon evolution [J]. PLoS One, 2013, 8(6): e67350.
- [34] Kuang D Y, Wu H, Wang Y L, et al. Complete chloroplast genome sequence of *Magnolia kwangsiensis* (Magnoliaceae): implication for DNA barcoding and population genetics [J]. Genome, 2011, 54(8): 663 – 673.
- [35] 吴东洋, 业 宁, 徐逸卿, 等. 狗枣猕猴桃叶绿体基因组微卫星特征分析 [J]. 北方园艺, 2018(9): 30 – 35.
- [36] 马孟莉, 张 薇, 孟衡玲, 等. 草果叶绿体基因组特征及系统发育分析 [J]. 中草药, 2021, 52(19): 6023 – 6031.
- [37] 叶 鹏, 李显煌, 唐军荣, 等. 云南金花茶转录组 SSR 的分布及其序列特征 [J]. 中南林业科技大学学报, 2019, 39(9): 86 – 91.