

基于叶绿体基因组的单核苷酸多态位点的落叶松属(*Larix* Mill.)植物的分子鉴定新方法

——以8个种/变种的分析为例

李 斌^{1,2}, 左云娟^{3,4*}, 刘艳磊⁵, 杨志荣⁶, 靳晓白⁷, 潘伯荣⁸, 常 青⁸, 索志立^{9*}

¹中国林业科学研究院林业研究所, 北京

²中国林业科学研究院林木遗传和育种国家重点实验室, 北京

³中国科学院东南亚生物多样性研究中心, 云南 西双版纳

⁴中国科学院西双版纳热带植物园综合保护中心, 云南 西双版纳

⁵河北工程大学园林与生态工程学院, 河北 邯郸

⁶中国科学院植物研究所国家植物标本馆, 北京

⁷国家植物园, 北京

⁸中国科学院新疆生态与地理研究所, 新疆 乌鲁木齐

⁹中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京

收稿日期: 2023年4月30日; 录用日期: 2023年7月18日; 发布日期: 2023年7月27日

摘要

高通量测序技术可低成本获得叶绿体全基因组序列, 为落叶松属植物的精确鉴定提供了可能。我们利用叶绿体全基因组中的527个单核苷酸多态位点, 作为分子性状, 首次精准鉴定落叶松属8个种/变种, 研制了分子分类检索表。单核苷酸多态位点存在种间差异。喜马拉雅红杉(*Larix himalaica* W. C. Cheng & L. K. Fu)、新疆落叶松(*L. sibirica* Ledeb.)和欧洲落叶松(*L. decidua* Mill.)的物种特有单核苷酸多态位点数量均较多, 遗传分化较大。落叶松(原变种) (*L. gmelinii* (Rupr.) Kuzen. var. *gmelinii*)、黄花落叶松(*L. gmelinii* var. *olgensis* (A. Henry) Ostenf. & Syrach)、千岛落叶松(*L. gmelinii* var. *japonica* (Maxim. ex Regel) Pilg.)以及凯杨德落叶松(*L. cajanderi* Mayr)之间遗传差异较小。结果显示叶绿体基因组的单核苷酸多态位点信息, 可用于落叶松属植物不同基因型的分子鉴定。本研究对于落叶松属植物种质资源的分类鉴定、保护和利用具有重要价值。

关键词

落叶松属, 叶绿体基因组, 单核苷酸多态位点, 植物鉴定

*通讯作者。

A Novel Method for Molecular Identification of Plants in *Larix* Mill. Using Single Nucleotide Polymorphic Characters from Complete Chloroplast Genomes

—Analysis on Eight Species/Varieties as an Example

Bin Li^{1,2}, Yunjuan Zuo^{3,4*}, Yanlei Liu⁵, Zhirong Yang⁶, Xiaobai Jin⁷, Borong Pan⁸,
Qing Chang⁸, Zhili Suo^{9*}

¹Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing

²State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing

³Southeast Asia Biodiversity Research Institute, Chinese Academy of Sciences, Mengla Yunnan

⁴Center for Integrative Conservation, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Mengla Yunnan

⁵School of Landscape and Ecological Engineering, Hebei University of Engineering, Handan Hebei

⁶National Herbarium (PE), Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing

⁷China National Botanical Garden, Beijing

⁸Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi Xinjiang

⁹State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing

Received: Apr. 30th, 2023; accepted: Jul. 18th, 2023; published: Jul. 27th, 2023

Abstract

The low experimental cost of high-throughput sequencing technology for yielding sequence data of complete chloroplast genomes has made it possible to challenge the accurate identification of *Larix* plants. In this study, five hundred and twenty-seven single nucleotide polymorphic characters from the complete chloroplast genomes were used for the first time as molecular traits to identify *Larix* plants and compile a molecular classification key. There are differences in aspects of single nucleotide polymorphic characters between species and varieties. Among the eight species/varieties, *L. himalaica* W. C. Cheng & L. K. Fu, *L. sibirica* Ledeb .and *L. deciduas* Mill. has larger number of diverged single nucleotide characters. Genetic variation levels among the four genotypes as named *L. gmelinii* (Rupr.) Kuzen. var. *gmelinii*, *L. gmelinii* var. *olgensis* (A. Henry) Ostenf. & Syrach, *L. gmelinii* var. *japonica* (Maxim. ex Regel) Pilg. and *L. cajanderi* Mayr are comparatively low. Our results indicated that single nucleotide polymorphic characters from the chloroplast genomes could be used for discrimination of different genotypes in *Larix*. This study is valuable for identification, conservation and utilization of plant germplasm resources of *Larix*.

Keywords

Larix Mill., Complete Chloroplast Genome, Single-Nucleotide Polymorphic Character, Plant Identification

Copyright © 2023 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

落叶松属(*Larix* Mill.)隶属于松科(Pinaceae)，为落叶乔木，是针叶林的主要构成树种之一，全球约15种[1]。落叶松生长速度快，木材用于造纸、建筑、家具等，也是重要的造林和绿化树种[1] [2]。落叶松属植物通常利用叶、雌雄花、球果等器官进行物种鉴定。在实际应用中，首先查阅标本、图片和植物志的描述，理解关键形态特征，然后在野外或现地进行种类鉴定。由于种间形态特征存在一定程度的相似性，具有分类价值的形态特征数量有限，同时，形态分类特征的确定和利用容易受到人为判断的影响，实际鉴定过程中存在难度，例如，对种子进行物种名称鉴定、落叶期间的植株名称鉴定等。落叶松属植物资源多样性的精确鉴定一直是学术界关注的重要课题。

先前的研究报道了落叶松属植物的核型[3]、等位酶[4] [5]以及12个叶绿体DNA片段标记[6]，然而，上述方法提供的信息量少[7] [8] [9] [10]。物种的精准鉴定和演化关系的深入研究，需要更多可量化的分子水平的分类性状[11] [12] [13]。近年，高通量测序技术大幅降低了基因组测序实验成本，突破了形态特征和DNA片段等标记信息量少的局限。叶绿体全基因组序列已广泛用于系统发生关系分析[14]-[22]。本研究利用落叶松属8个种/变种的叶绿体全基因组序列大数据，分析单核苷酸多态位点，解决物种的精确鉴定难题。

2. 材料与方法

Table 1. *Larix* samples and Genbank accession numbers of chloroplast genome sequences used in this study

表 1. 落叶松属的供试样品名称及叶绿体基因组序列号

	Name of species/varieties 名称	Genbank accession no. 序列号
1	<i>L.cajanderi</i> EH93 凯杨德落叶松	MK468641.1
2	<i>L.cajanderi</i> EH97 凯杨德落叶松	MK468644.1
3	<i>L.cajanderi</i> EH98 凯杨德落叶松	MK468645.1
4	<i>L.cajanderi</i> EH104 凯杨德落叶松	MK468647.1
5	<i>L.cajanderi</i> EH96 凯杨德落叶松	MK468643.1
6	<i>L.gmelinii</i> var. <i>japonica</i> LgKa01 千岛落叶松	LC228572.1
7	<i>L.gmelinii</i> var. <i>japonica</i> LgCh01 千岛落叶松	LC228570.1
8	<i>L.gmelinii</i> var. <i>japonica</i> LgCh02 千岛落叶松	LC228571.1
9	<i>L.gmelinii</i> var. <i>olgensis</i> 2017LYS 黄花落叶松	MF990370.1
10	<i>L.gmelinii</i> var. <i>gmelinii</i> EH83 落叶松(原变种)	MK468634.1
11	<i>L.decidua</i> 欧洲落叶松	AB501189.1
12	<i>L.kaempferi</i> Lk Ho1 日本落叶松	LC574969.1
13	<i>L.kaempferi</i> Lk Ho3 日本落叶松	LC574971.1
14	<i>L.kaempferi</i> Lk Ho2 日本落叶松	LC574970.1
15	<i>L.kaempferi</i> Lk Ka2 日本落叶松	LC574974.1
16	<i>L.kaempferi</i> Lk Ho4 日本落叶松	LC574972.1
17	<i>L.sibirica</i> 新疆落叶松	MF795085.1
18	<i>L.himalaica</i> Lh01 喜马拉雅红杉	MN822883.1
19	<i>Picea brachytyla</i> var. <i>complanata</i> 油麦吊云杉	OK539526.1

18 个样品的叶绿体全基因组序列代表落叶松属的 8 个种和变种(表 1)。用 MAFFTv7.055b 软件[23] (<http://mafft.cbrc.jp/alignment/software>)比对序列。根据本团队发表的方法[7] [8] [9]，用 MEGA 7.0 [24] 和 DnaSP v6 软件[25] (<http://www.ub.edu/dnasp/>)鉴定单核苷酸多态位点(图 1)。具有分类价值的单核苷酸多态位点，用于研制分子鉴定检索表(图 1)。以油麦吊云杉 *Picea brachytyla* (Franch.) Pritz. var. *complanata* (Mast.) Cheng ex Rehd.作为外群对照，基于叶绿体全基因组序列数据，用 MEGA 7.0 软件[26]的 Tamura 3-parameter model 参数模型运算遗传关系(图 2)、计算遗传距离(表 3)。

Table 2. Base composition of valuable single nucleotide variable sites for classification of the eight species/varieties of *Larix*
表 2. 落叶松属 8 个种和变种的有分类价值的单核苷酸变异位点的数目及碱基构成

	Name of species/varieties 名称	A/C/G/T 碱基构成	Total 合计
1	<i>L. cajanderi</i> 凯杨德落叶松	0/2/1/2	5
2	<i>L. decidua</i> 欧洲落叶松	20/31/36/13	100
3	<i>L. gmelinii</i> var. <i>gmelinii</i> 落叶松(原变种)	3/1/0/2	6
4	<i>L. gmelinii</i> var. <i>japonica</i> 千岛落叶松	3/1/1/2	7
5	<i>L. gmelinii</i> var. <i>olgensis</i> 黄花落叶松	2/3/1/4	10
6	<i>L. kaempferi</i> 日本落叶松	5/3/5/10	23
7	<i>L. himalaica</i> 喜马拉雅红杉	34/28/23/48	133
8	<i>L. sibirica</i> 新疆落叶松	32/27/22/43	124
9	<i>L. gmelinii</i> var. <i>gmelinii</i> + <i>L. gmelinii</i> var. <i>olgensis</i> 落叶松+黄花落叶松	2/0/2/1	5
10	<i>L. himalaica</i> + <i>L. sibirica</i> 喜马拉雅红杉 + 新疆落叶松	24/40/30/20	114
	Total 总计	125/136/121/145	527

1-1a. Type C₃₀₄₈G₆₉₄₅G₁₁₃₂₄A₁₁₅₂₄T₁₅₁₆₁C₁₇₂₈₁G₁₈₂₆₈T₂₀₃₅₅A₂₀₇₃₂G₂₁₁₈₄G₂₁₂₀₆T₂₂₈₁₇C₂₄₅₆₂C₂₄₅₈₈G₂₅₁₃₆
T₂₆₈₄₇T₂₇₂₆₁G₂₇₄₂₁C₂₈₈₁₁T₃₀₃₄₂A₃₀₇₃₇T₃₄₅₉₂A₃₅₆₃₅G₃₅₉₁₀C₃₆₀₉₃G₃₆₉₀₂C₃₈₂₆₀A₃₈₅₅₀G₃₈₅₇₁T₃₉₄₁₁
G₃₉₆₁₇C₄₀₂₃₅C₄₀₂₃₉G₄₂₇₄₀C₄₃₆₃₀G₄₅₄₇₈G₄₇₄₁₄C₄₉₃₁₇G₄₉₅₅₇C₅₇₄₈₈A₅₈₀₈₂A₅₉₀₅₄C₆₀₉₇₈T₆₁₇₄₄G₆₂₆₀₃
C₆₃₄₁₇T₆₄₄₉₀T₆₄₅₂₆A₆₄₅₆₀C₆₅₁₄₂C₆₆₁₇₇T₆₇₆₁₈C₆₇₇₃₀A₆₉₀₄₄C₆₉₇₆₅G₆₉₉₁₄C₇₀₁₇₇G₇₀₄₀₉G₇₁₁₁₈C₇₁₂₀₄
C₇₁₃₀₅C₇₁₄₆₈A₇₁₈₈₇G₇₁₉₄₅C₇₅₂₈₃A₇₈₅₁₈T₇₉₅₄₈C₈₀₂₄₁A₈₀₉₇₉T₈₃₇₃₈C₈₆₀₄₆C₈₆₃₂₅A₈₆₄₂₄T₈₆₅₄₄G₈₆₅₄₆
A₈₆₇₅₃C₈₇₀₆₇A₈₇₁₂₀A₈₇₂₆₉C₈₇₄₃₇G₈₇₈₅₇C₈₈₀₆₀C₉₀₂₄₆G₉₀₆₀₄A₉₅₆₅₀C₉₆₆₁₄A₁₀₀₇₁₀C₁₀₀₇₂₃G₁₀₁₂₇₆
G₁₀₁₇₈₀T₁₀₄₁₂₇T₁₀₄₃₈₃A₁₀₄₈₁₄C₁₀₉₉₅₀G₁₁₀₅₅₂C₁₁₁₁₃₀T₁₁₂₅₇₇A₁₁₃₁₆₉G₁₁₃₃₂₇T₁₁₃₄₁₁C₁₁₄₇₀₉C₁₁₅₀₄₉
G₁₁₆₆₀₆C₁₁₇₅₀₉G₁₁₉₀₇₀C₁₁₉₁₈₉C₁₁₉₉₈₀T₁₁₉₉₈₈A₁₂₀₈₄₉G₁₂₂₅₈₅A₁₂₂₅₈₆A₁₂₂₇₅₃A₁₂₂₈₆₅C₁₂₂₉₈₇
..... 喜马拉雅红杉和新疆落叶松 *L. himalaica* and *L. sibirica*

1-1b. Type T₃₀₄₈A₆₉₄₅A₁₁₃₂₄C₁₁₅₂₄G₁₅₁₆₁A₁₇₂₈₁A₁₈₂₆₈C₂₀₃₅₅G₂₀₇₃₂A₂₁₁₈₄A₂₁₂₀₆C₂₂₈₁₇T₂₄₅₆₂T₂₄₅₈₈T₂₅₁₃₆
 A₂₆₈₄₇G₂₇₂₆₁A₂₇₄₂₁T₂₈₈₁₁C₃₀₃₄₂C₃₀₇₃₇G₃₄₅₉₂C₃₅₆₃₅A₃₅₉₁₀T₃₆₀₉₃A₃₆₉₀₂A₃₈₂₆₀G₃₈₅₅₀T₃₈₅₇₁A₃₉₄₁₁
 A₃₉₆₁₇T₄₀₂₃₅T₄₀₂₃₉T₄₂₇₄₀A₄₃₆₃₀A₄₅₄₇₈T₄₇₄₁₄T₄₉₃₁₇T₄₉₅₅₇T₅₇₄₈₈G₅₈₀₈₂C₅₉₀₅₄T₆₀₉₇₈G₆₁₇₄₄A₆₂₆₀₃
 T₆₃₄₁₇C₆₄₄₉₀G₆₄₅₂₆G₆₄₅₆₀T₆₅₁₄₂T₆₆₁₇₇C₆₇₆₁₈T₆₇₇₃₀C₆₉₀₄₄A₆₉₇₆₅A₆₉₉₁₄T₇₀₁₇₇A₇₀₄₀₉T₇₁₁₁₈T₇₁₂₀₄
 T₇₁₃₀₅T₇₁₄₆₈C₇₁₈₈₇T₇₁₉₄₅A₇₅₂₈₃C₇₈₅₁₈C₇₉₅₄₈T₈₀₂₄₁C₈₀₉₇₉C₈₃₇₃₈T₈₆₀₄₆T₈₆₃₂₅C₈₆₄₂₄G₈₆₅₄₄A₈₆₅₄₆
 T₈₆₇₅₃A₈₇₀₆₇G₈₇₁₂₀T₈₇₂₆₉T₈₇₄₃₇A₈₇₈₅₇A₈₈₀₆₀T₉₀₂₄₆T₉₀₆₀₄C₉₅₆₅₀A₉₆₆₁₄C₁₀₀₇₁₀A₁₀₀₇₂₃A₁₀₁₂₇₆
 A₁₀₁₇₈₀C₁₀₄₁₂₇C₁₀₄₃₈₃C₁₀₄₈₁₄T₁₀₉₉₅₀A₁₁₀₅₅₂T₁₁₁₃₀A₁₁₂₅₇₇G₁₁₃₁₆₉T₁₁₃₃₂₇G₁₁₃₄₁₁T₁₁₄₇₀₉T₁₁₅₀₄₉
 T₁₁₆₆₀₆T₁₁₇₅₀₉A₁₁₉₀₇₀A₁₁₉₁₈₉A₁₁₉₉₈₀G₁₁₉₉₈₈G₁₂₀₈₄₉T₁₂₂₅₈₅C₁₂₂₅₈₆G₁₂₂₇₅₃G₁₂₂₈₆₅T₁₂₂₉₈₇

..... 喜马拉雅红杉和新疆落叶松之外的 6 个种和变种

The six taxa other than *L. himalaica* and *L. sibirica*

1-1-1a. Type T₃₁₇₈C₄₆₇₈A₆₆₄₅A₇₀₁₆G₉₄₅₁A₁₂₇₂₃C₁₃₃₅₅C₁₃₇₇₄C₁₄₅₄₄G₁₄₆₄₂A₁₅₃₅₉C₁₆₀₀₁C₁₉₀₃₅T₁₉₆₂₄C₁₉₆₂₅
 A₂₀₁₈₈T₂₁₆₇₂T₂₃₁₁₃T₂₈₄₇₂T₂₈₅₀₄A₃₆₄₄₁A₃₆₉₉₁T₃₇₁₉₈G₃₇₄₈₈T₃₈₈₆₁A₄₀₃₂₆T₄₄₀₄₇A₄₆₉₅₈T₄₇₆₁₈T₄₈₅₉₅
 A₅₂₂₂₈T₅₂₃₅₉A₅₅₃₉₅T₅₅₅₁₉T₆₁₃₄₄T₆₁₈₇₂T₆₁₉₀₄G₆₁₉₁₀G₆₂₅₈₇T₆₃₀₂₇A₆₅₆₃₁G₆₅₈₆₁G₆₆₃₂₁T₆₇₉₃₄T₆₉₁₂₆
 C₆₉₁₂₇A₆₉₉₁₀T₆₉₉₁₁A₆₉₉₃₂G₆₉₉₆₂C₆₉₉₆₉T₆₉₉₇₆C₆₉₉₇₉C₆₉₉₉₆G₇₀₀₀₅C₇₀₀₂₃T₇₀₀₃₀C₇₀₁₀₄G₇₁₀₁₂A₇₁₁₁₂
 T₇₁₈₀₉G₇₁₉₇₅T₇₂₉₄₄C₇₃₂₃₄A₇₃₆₁₃G₇₅₃₁₂A₇₆₆₉₇A₇₇₆₁₅C₇₈₈₀₉C₇₉₀₄₉A₇₉₁₈₄G₈₁₆₁₄T₈₄₀₀₇G₈₄₂₀₀C₈₄₄₃₆
 C₈₄₄₃₇C₈₄₉₁₆C₈₅₁₆₄G₈₅₅₁₂T₈₅₆₄₁C₈₅₇₆₆G₈₇₁₁₉T₈₈₃₀₈G₈₈₇₄₀T₈₈₉₁₄A₈₉₀₆₁A₉₁₁₁₇C₉₁₃₅₇T₉₁₄₄₇G₉₅₆₄₉
 T₉₇₀₀₀T₉₇₁₉₆A₉₇₂₀₉C₉₇₂₁₈A₁₀₁₀₁₉T₁₀₁₁₂₇T₁₀₁₃₉₂G₁₀₁₄₅₄T₁₀₁₄₅₆G₁₀₁₄₅₇C₁₀₁₄₈₇T₁₀₂₅₉₅A₁₀₃₇₁₆
 A₁₀₇₇₀₉A₁₀₈₀₅₆A₁₀₉₁₃₉T₁₁₁₀₄₉T₁₁₁₄₁₄A₁₁₁₇₆₇G₁₁₁₈₀₀T₁₁₂₉₆₆G₁₁₃₁₀₂A₁₁₃₅₁₅C₁₁₄₀₂₃C₁₁₄₅₈₅G₁₁₄₇₉₉
 C₁₁₄₉₆₈T₁₁₅₀₆₃T₁₁₅₅₉₇T₁₁₅₆₁₄T₁₁₅₉₈₈T₁₁₆₄₉₁T₁₁₆₅₇₉A₁₁₇₅₇₇C₁₁₇₈₄₈A₁₁₉₁₅₈C₁₁₉₉₈₉T₁₂₀₃₃₄A₁₂₀₆₅₁
 T₁₂₁₄₃₃A₁₂₂₃₄₃T₁₂₂₄₅₇..... 喜马拉雅红杉 *L. himalaica*

1-1-1b. Type G₃₁₇₈T₄₆₇₈C₆₆₄₅C₇₀₁₆A₉₄₅₁C₁₂₇₂₃G₁₃₃₅₅A₁₃₇₇₄T₁₄₅₄₄A₁₄₆₄₂G₁₅₃₅₉T₁₆₀₀₁A₁₉₀₃₅G₁₉₆₂₄A₁₉₆₂₅
 C₂₀₁₈₈C₂₁₆₇₂G₂₃₁₁₃C₂₈₄₇₂C₂₈₅₀₄G₃₆₄₄₁C₃₆₉₉₁C₃₇₁₉₈A₃₇₄₈₈C₃₈₈₆₁G₄₀₃₂₆C₄₄₀₄₇C₄₆₉₅₈C₄₇₆₁₈C₄₈₅₉₅
 G₅₂₂₂₈C₅₂₃₅₉G₅₅₃₉₅C₅₅₅₁₉C₆₁₃₄₄C₆₁₈₇₂G₆₁₉₀₄T₆₁₉₁₀T₆₂₅₈₇C₆₃₀₂₇G₆₅₆₃₁T₆₅₈₆₁A₆₆₃₂₁C₆₇₉₃₄G₆₉₁₂₆
 A₆₉₁₂₇C₆₉₉₁₀A₆₉₉₁₁C₆₉₉₃₂A₆₉₉₆₂A₆₉₉₆₉C₆₉₉₇₆T₆₉₉₇₉A₆₉₉₉₆C₇₀₀₀₅A₇₀₀₂₃C₇₀₀₃₀A₇₀₁₀₄T₇₁₀₁₂G₇₁₁₁₂
 C₇₁₈₀₉T₇₁₉₇₅G₇₂₉₄₄C₇₃₂₃₄G₇₃₆₁₃T₇₅₃₁₂G₇₆₆₉₇G₇₇₆₁₅T₇₈₈₀₉A₇₉₀₄₉C₇₉₁₈₄T₈₁₆₁₄C₈₄₀₀₇A₈₄₂₀₀C₈₄₄₃₆
 G₈₄₄₃₇A₈₄₉₁₆A₈₅₁₆₄T₈₅₅₁₂C₈₅₆₄₁T₈₅₇₆₆T₈₇₁₁₉C₈₈₃₀₈T₈₈₇₄₀G₈₈₉₁₄C₈₉₀₆₁T₉₁₁₁₇A₉₁₃₅₇C₉₁₄₄₇T₉₅₆₄₉
 C₉₇₀₀₀C₉₇₁₉₆C₉₇₂₀₉T₉₇₂₁₈C₁₀₁₀₁₉G₁₀₁₁₂₇C₁₀₁₃₉₂A₁₀₁₄₅₄A₁₀₁₄₅₆T₁₀₁₄₅₇T₁₀₁₄₈₇G₁₀₂₅₉₅C₁₀₃₇₁₆
 C₁₀₇₇₀₉C₁₀₈₀₅₆G₁₀₉₁₃₉G₁₁₁₀₄₉C₁₁₁₄₁₄T₁₁₁₇₆₇T₁₁₁₈₀₀C₁₁₂₉₆₆A₁₁₃₁₀₂G₁₁₃₅₁₅T₁₁₄₀₂₃T₁₁₄₅₈₅A₁₁₄₇₉₉
 T₁₁₄₉₆₈C₁₁₅₀₆₃C₁₁₅₅₉₇C₁₁₅₆₁₄C₁₁₅₉₈₈C₁₁₆₄₉₁G₁₁₆₅₇₉C₁₁₇₅₇₇A₁₁₇₈₄₈G₁₁₉₁₅₈A₁₁₉₉₈₉C₁₂₀₃₃₄C₁₂₀₆₅₁
 A₁₂₁₄₃₃T₁₂₂₃₄₃C₁₂₂₄₅₇..... 喜马拉雅红杉之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. himalaica*

1-1-2a. Type A₃₁₁₅T₆₆₄₉A₁₀₃₅₂C₁₁₀₄₅T₁₉₄₈₄C₂₁₂₂₆A₂₁₃₆₆A₂₄₆₁₅A₂₄₆₄₀T₂₄₉₁₀T₂₅₁₉₉G₂₈₃₆₈A₃₀₀₁₅G₃₀₅₆₆T₃₀₆₃₉
 A₃₀₈₇₄C₃₁₁₆₃T₃₁₂₀₁A₃₄₈₅₃C₃₅₃₁₆A₃₅₃₈₀G₃₅₉₁₆G₃₆₉₅₅T₃₆₉₉₇C₃₇₆₀₅T₃₇₆₄₅C₃₈₁₀₆T₃₈₇₇₅A₄₀₄₂₆T₄₀₄₄₅
 C₄₇₁₃₂T₅₀₁₂₁G₆₁₈₈₆T₆₆₂₁₁A₆₆₄₅₅G₆₇₇₆₇T₆₈₀₈₀A₆₉₆₉₆A₆₉₈₇₈A₆₉₈₉₄T₇₀₁₈₂C₇₀₄₀₇C₇₀₄₇₉T₇₀₇₄₅C₇₁₄₈₀
 C₇₂₂₇₉T₇₂₅₈₄G₇₂₇₇₉C₇₃₁₂₅A₇₃₁₄₁A₇₃₂₂₃A₇₃₅₃₇C₇₆₈₇₆C₇₆₉₂₁T₇₇₀₃₇G₇₇₁₈₃G₇₈₅₁₁C₇₈₈₁₂A₇₉₀₁₃G₇₉₀₅₂
 T₇₉₃₀₃T₇₉₄₂₈G₇₉₆₃₅C₇₉₈₀₈B₈₀₆₉₂C₈₁₉₈₁G₈₂₅₃₁G₈₂₇₃₅A₈₃₀₈₃A₈₃₈₈₃T₈₄₃₄₁C₈₄₅₄₅C₈₄₉₉₉T₈₅₂₁₁G₈₅₄₅₆
 T₈₅₅₄₉T₈₅₅₉₈T₈₆₁₃₈G₈₆₁₃₉C₈₆₂₂₆T₈₆₆₄₈T₈₆₆₆₁G₈₆₇₅₄T₈₆₇₆₈A₈₆₈₄₂T₈₇₀₁₆C₈₇₄₃₆T₈₇₄₆₆T₈₇₄₉₄T₈₈₂₅₂
 A₉₀₁₉₉A₉₁₃₂₁G₉₁₃₆₀T₉₁₇₉₃T₉₁₉₄₁G₉₂₀₀₅A₉₃₂₄₄T₉₅₁₀₄A₉₆₉₉₇T₉₇₆₈₆A₉₈₁₃₀C₉₉₅₄₀A₁₀₁₇₁₃C₁₀₂₄₈₃
 C₁₀₃₂₄₃A₁₀₃₃₂₅T₁₀₃₃₇₀T₁₀₃₄₉₉C₁₀₄₁₅₄A₁₀₄₈₀₇G₁₀₆₈₄₃T₁₁₁₂₉₇T₁₁₁₈₀₈T₁₁₂₃₀₉G₁₁₂₇₉₄G₁₁₂₈₃₈T₁₁₆₆₄₆
 A₁₁₇₂₈₉C₁₁₇₃₂₀A₁₁₇₄₅₈A₁₁₇₈₄₇C₁₁₈₇₂₄T₁₂₁₆₁₈ 新疆落叶松 *L. sibirica*

1-1-2b. Type G₃₁₁₅C₆₆₄₉C₁₀₃₅₂G₁₁₀₄₅A₁₉₄₈₄A₂₁₂₂₆G₂₁₃₆₆C₂₄₆₁₅G₂₄₆₄₀C₂₄₉₁₀G₂₅₁₉₉A₂₈₃₆₈G₃₀₀₁₅T₃₀₅₆₆A₃₀₆₃₉
 G₃₀₈₇₄T₃₁₁₆₃G₃₁₂₀₁G₃₄₈₅₃A₃₅₃₁₆C₃₅₃₈₀A₃₅₉₁₆A₃₆₉₅₅C₃₆₉₉₇A₃₇₆₀₅C₃₇₆₄₅A₃₈₁₀₆C₃₈₇₇₅G₄₀₄₂₆C₄₀₄₄₅
 T₄₇₁₃₂C₅₀₁₂₁T₆₁₈₈₆C₆₆₂₁₁G₆₆₄₅₅A₆₇₇₆₇G₆₈₀₈₀C₆₉₆₉₆C₆₉₈₇₈C₆₉₈₉₄T₇₀₁₈₂A₇₀₄₀₇A₇₀₄₇₉C₇₀₇₄₅A₇₁₄₈₀
 T₇₂₂₇₉C₇₂₅₈₄A₇₂₇₇₉A₇₃₁₂₅G₇₃₁₄₁G₇₃₂₂₃G₇₃₅₃₇A₇₆₈₇₆T₇₆₉₂₁C₇₇₀₃₇A₇₇₁₈₃T₇₈₅₁₁A₇₈₈₁₂G₇₉₀₁₃T₇₉₀₅₂
 C₇₉₃₀₃G₇₉₄₂₈T₇₉₆₃₅C₇₉₈₀₈A₈₀₆₉₂G₈₁₉₈₁T₈₂₅₃₁A₈₂₇₃₅G₈₃₀₈₃G₈₃₈₈₃G₈₄₃₄₁C₈₄₅₄₅A₈₄₉₉₉C₈₅₂₁₁T₈₅₄₅₆
 G₈₅₅₄₉A₈₅₅₉₈G₈₆₁₃₈T₈₆₁₃₉A₈₆₂₂₆G₈₆₆₄₈C₈₆₆₆₁C₈₆₇₅₄A₈₆₇₆₈G₈₆₈₄₂C₈₇₀₁₆T₈₇₄₃₆G₈₇₄₆₆C₈₇₄₉₄C₈₈₂₅₂
 C₉₀₁₉₉G₉₁₃₂₁T₉₁₃₆₀G₉₁₇₉₃G₉₁₉₄₁T₉₂₀₀₅G₉₃₂₄₄G₉₅₁₀₄G₉₆₉₉₇G₉₇₆₈₆G₉₈₁₃₀G₉₉₅₄₀C₁₀₁₇₁₃A₁₀₂₄₈₃
 C₁₀₃₂₄₃G₁₀₃₃₂₅A₁₀₃₃₇₀T₁₀₃₄₉₉A₁₀₄₁₅₄C₁₀₄₈₀₇A₁₀₆₈₄₃C₁₁₁₂₉₇C₁₁₁₈₀₈G₁₁₂₃₀₉C₁₁₂₇₉₄T₁₁₂₈₃₈C₁₁₆₆₄₆
 C₁₁₇₂₈₉T₁₁₇₃₂₀G₁₁₇₄₅₈T₁₁₇₈₄₇A₁₁₈₇₂₄C₁₂₁₆₁₈ 新疆落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. sibirica*

1-1-3a. Type A₇₁₀₁₃ 喜马拉雅红杉 *L. himalaica*

1-1-3b. Type G₇₁₀₁₃ 新疆落叶松 *L. sibirica*

1-1-3c. Type C₇₁₀₁₃ 喜马拉雅红杉和新疆落叶松之外的 6 个种和变种

The six taxa other than *L. himalaica* and *L. sibirica*

1-2a. Type C₂₃₈₀C₂₇₁₄C₄₅₅₅G₅₇₄₃C₈₉₂₅G₉₂₂₄C₁₀₄₆₂A₁₁₂₅₆C₁₈₉₃₁C₂₁₁₀₁C₂₁₁₀₄A₂₄₂₈₂G₂₄₇₀₂G₂₄₇₄₅T₂₆₅₇₀G₂₇₄₉₅
 G₂₇₅₃₀T₂₈₁₅₆G₂₈₅₃₄G₂₈₆₆₃T₂₈₇₆₅G₂₉₀₁₃C₂₉₄₉₀T₃₁₆₉₅C₃₃₆₀₆T₃₅₅₈₄G₃₆₁₃₂A₃₆₁₄₁C₃₇₄₆₀C₃₈₈₁₅C₄₀₄₆₆
 C₄₃₃₂₅G₄₃₇₈₅G₄₃₇₉₀C₄₆₁₄₀C₄₆₁₇₄A₄₇₅₇₁A₄₈₂₂₆G₄₉₀₀₃C₄₉₈₂₃G₅₁₈₇₃G₅₂₂₃₄C₅₂₃₄₀G₅₄₁₀₁C₅₅₉₇₅A₅₆₃₈₃
 G₅₆₃₉₂G₅₇₅₆₉A₅₈₂₂₆A₆₀₁₉₁G₆₀₆₂₆T₆₁₈₈₁C₆₅₆₁₈A₆₈₆₄₄G₇₀₀₃₂C₇₀₀₅₉G₇₁₁₇₁G₇₁₂₁₇G₇₁₇₉₁C₇₁₈₃₇A₇₂₃₁₂
 G₇₂₈₈₅G₇₄₄₄₀G₇₅₃₈₁C₇₅₅₈₁C₈₀₈₃₉T₈₁₇₄₆C₈₃₇₅₇T₈₄₈₂₃A₈₅₁₈₀A₈₉₉₁₃G₉₀₀₉₃G₉₁₂₆₁G₉₂₄₁₆T₉₅₉₃₆A₉₇₀₃₃
 C₉₉₇₂₈A₁₀₀₅₁₃T₁₀₅₆₀₃G₁₀₅₆₀₄A₁₀₅₆₀₅C₁₀₅₆₆₄C₁₀₆₅₄₃C₁₀₆₈₂₂A₁₀₇₃₁₈T₁₁₁₅₆₂G₁₁₃₁₈₃C₁₁₅₉₄₃T₁₁₇₆₁₆
 C₁₁₈₁₂₃A₁₁₈₆₆₅G₁₂₁₃₇₈A₁₂₁₃₇₉G₁₂₁₃₈₂A₁₂₁₃₈₅G₁₂₁₄₉₆T₁₂₁₅₀₀G₁₂₂₅₂₈G₁₂₂₅₆₇A₁₂₂₇₀₁
 欧洲落叶松 *Larix decidua*

1-2b. Type T₂₃₈₀A₂₇₁₄T₄₅₅₅A₅₇₄₃T₈₉₂₅A₉₂₂₄T₁₀₄₆₂G₁₁₂₅₆T₁₈₉₃₁T₂₁₁₀₁T₂₁₁₀₄C₂₄₂₈₂A₂₄₇₀₂A₂₄₇₄₅C₂₆₅₇₀C₂₇₄₉₅

C₂₇₅₃₀C₂₈₁₅₆A₂₈₅₃₄A₂₈₆₆₃G₂₈₇₆₅A₂₉₀₁₃T₂₉₄₉₀C₃₁₆₉₅T₃₃₆₀₆G₃₅₅₈₄A₃₆₁₃₂G₃₆₁₄₁T₃₇₄₆₀T₃₈₈₁₅T₄₀₄₆₆

T₄₃₃₂₅A₄₃₇₈₅A₄₃₇₉₀T₄₆₁₄₀T₄₆₁₇₄G₄₇₅₇₁G₄₈₂₂₆A₄₉₀₀₃T₄₉₈₂₃A₅₁₈₇₃A₅₂₂₃₄T₅₂₃₄₀A₅₄₁₀₁T₅₅₉₇₅T₅₆₃₈₃
A₅₆₃₉₂A₅₇₅₆₉G₅₈₂₂₆T₆₀₁₉₁A₆₀₆₂₆G₆₁₈₈₁T₆₅₆₁₈T₆₈₆₄₄C₇₀₀₃₂G₇₀₀₅₉C₇₁₁₇₁A₇₁₂₁₇A₇₁₇₉₁G₇₁₈₃₇G₇₂₃₁₂
T₇₂₈₈₅T₇₄₄₄₀T₇₅₃₈₁T₇₅₅₈₁T₈₀₈₃₉C₈₁₇₄₆A₈₃₇₅₇G₈₄₈₂₃C₈₅₁₈₀G₈₉₉₁₃T₉₀₀₉₃A₉₁₂₆₁A₉₂₄₁₆G₉₅₉₃₆G₉₇₀₃₃
T₉₉₇₂₈T₁₀₀₅₁₃C₁₀₅₆₀₃T₁₀₅₆₀₄G₁₀₅₆₀₅T₁₀₅₆₆₄A₁₀₆₅₄₃T₁₀₆₈₂₂G₁₀₇₃₁₈C₁₁₁₅₆₂A₁₁₃₁₈₃T₁₁₅₉₄₃G₁₁₇₆₁₆
G₁₁₈₁₂₃G₁₁₈₆₆₅T₁₂₁₃₇₈G₁₂₁₃₇₉A₁₂₁₃₈₂G₁₂₁₃₈₅T₁₂₁₄₉₆C₁₂₁₅₀₀A₁₂₂₅₂₈A₁₂₂₅₆₇C₁₂₂₇₀₁

..... 欧洲落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. decidua*

1-3a. Type G₂₅₁₂₉C₉₆₈₂₆C₁₀₀₅₁₀T₁₀₀₅₁₀T₁₀₀₅₁₆ 凯杨德落叶松 *Larix cajanderi*

1-3b. Type C₂₅₁₂₉A₉₆₈₂₆T₁₀₀₅₁₀C₁₀₀₅₁₅C₁₀₀₅₁₆ 凯杨德落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. cajanderi*

1-4a. Type A₇₀₀₅₂ 落叶松原变种、黄花落叶松和千岛落叶松

L. gmelinii var. *gmelinii*, *L. gmelinii* var. *olgensis*
and *L. gmelinii* var. *japonica*

1-4b. Type C₇₀₀₅₂ 落叶松原变种、黄花落叶松和千岛落叶松之外的 5 个种和变种

The five taxa other than *L. gmelinii* var. *gmelinii*, *L. gmelinii* var. *olgensis* and *L. gmelinii* var. *japonica*

1-4-1a. Type A₆₀₀₅₆A₈₉₉₉₅G₁₇₇₂₀T₂₀₃₈₀G₁₁₂₅₇₅ 落叶松和黄花落叶松

L. gmelinii var. *gmelinii* and *L. gmelinii* var. *olgensis*

1-4-1b. Type G₆₀₀₅₆G₈₉₉₉₅T₁₇₇₂₀C₂₀₃₈₀T₁₁₂₅₇₅ 落叶松和黄花落叶松之外的 6 个种和变种

The six taxa other than *L. gmelinii* var. *gmelinii* and *L. gmelinii* var. *olgensis*

1-4-2a. Type T₂₀₆₉₉C₃₅₇₁₅A₆₃₅₀₈A₇₂₈₀₀T₇₅₁₀₁A₁₀₂₉₃₄ 落叶松 *Larix gmelinii* var. *gmelinii*

1-4-2b. Type G₂₀₆₉₉T₃₅₇₁₅C₆₃₅₀₈G₇₂₈₀₀C₇₅₁₀₁C₁₀₂₉₃₄ 落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *Larix gmelinii* var. *gmelinii*

1-4-3a. Type T₃₈₃₅₀T₅₄₁₀₂C₇₉₁₃₉A₉₁₃₀₃C₉₁₃₃₆T₉₁₃₃₈T₉₁₃₄₃G₉₁₃₅₀G₉₁₃₅₆G₁₁₂₂₉₁

..... 黄花落叶松 *L. gmelinii* var. *olgensis*

1-4-3b. Type G₃₈₃₅₀C₅₄₁₀₂T₇₉₁₃₉G₉₁₃₀₃A₉₁₃₃₆C₉₁₃₃₈A₉₁₃₄₃A₉₁₃₅₀T₉₁₃₅₆C₁₁₂₂₉₁

..... 黄花落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. gmelinii* var. *olgensis*

1-4-4a. Type T₃₃₄₃₁A₅₁₈₇₇C₈₂₂₀₇G₈₄₄₆₂A₈₉₇₇₃A₉₁₇₇₈T₁₀₉₁₁₁ ... 千岛落叶松 *L. gmelinii* var. *japonica*

1-4-4b. Type C₃₃₄₃₁G₅₁₈₇₇T₈₂₂₀₇C₈₄₄₆₂T₈₉₇₇₃C₉₁₇₇₈A₁₀₉₁₁₁ 千岛落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. gmelinii* var. *japonica*

1-5a. Type T₃₇₂₀₄A₄₀₄₂₅C₄₀₉₅₈T₄₆₄₄₇T₅₈₄₁₉G₆₃₃₇₅G₆₉₁₄₃T₇₁₂₇₄A₇₂₇₀₃G₇₇₂₄₆T₇₇₂₉₇C₈₄₇₀₂A₁₀₂₄₃₂T₁₀₆₅₉₂

T₁₀₇₆₂₇A₁₀₇₇₉₉T₁₀₈₉₈₇T₁₁₁₈₁₈G₁₁₂₆₇₇T₁₁₄₉₇₂G₁₁₅₀₁₀C₁₁₅₅₆₀A₁₁₈₅₁₄

..... 日本落叶松 *L. kaempferi*

1-5b. Type C₃₇₂₀₄G₄₀₄₂₅A₄₀₉₅₈C₄₆₄₄₇G₅₈₄₁₉A₆₃₃₇₅T₆₉₁₄₃C₇₁₂₇₄G₇₂₇₀₃T₇₇₂₄₆C₇₇₂₉₇A₈₄₇₀₂G₁₀₂₄₃₂G₁₀₆₅₉₂

C₁₀₇₆₂₇G₁₀₇₇₉₉G₁₀₈₉₈₇T₁₁₁₈₁₈A₁₁₂₆₇₇G₁₁₄₉₇₂T₁₁₅₀₁₀T₁₁₅₅₆₀G₁₁₈₅₁₄

..... 日本落叶松之外的 7 个种和变种

The seven taxa other than *L. kaempferi*

Figure 1. Molecular taxonomic key to eight taxa in genus *Larix* based on the singletons from the whole chloroplast genome
图 1. 落叶松属 8 个分类单元的分子分类检索表

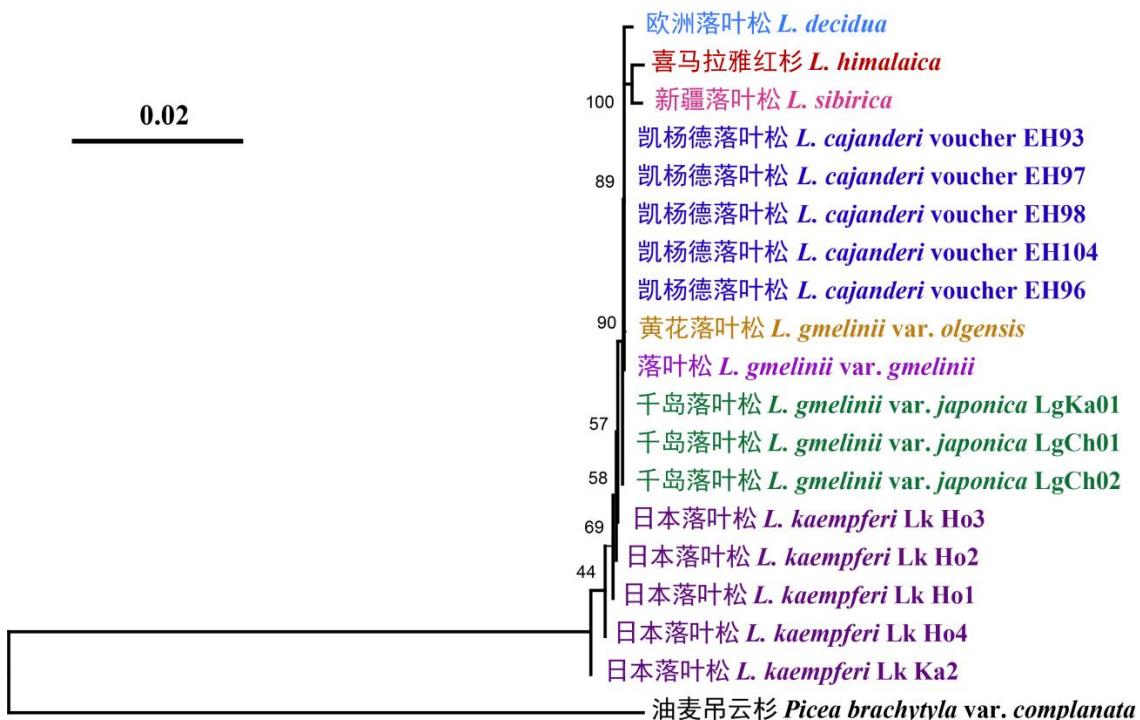


Figure 2. Phylogenetic tree of the eight *Larix* species/varieties based on complete chloroplast genome sequences using the neighbour-joining method with the Tamura3-parameter model. The numbers near the branches are bootstrap support values (%) of 1,000 replications

图 2. 基于叶绿体全基因组序列的落叶松属 8 个种/变种的系统发生关系。分支图中的数字为 1,000 次重复抽样的自展支持率

3. 结果

落叶松属 18 个样品的叶绿体基因组序列的总长度为 121,971~122,598 bp。比对序列长度为 125,077 个核苷酸，5'-端起的第 1 个核苷酸字母的位置编号为 1，最后一个核苷酸字母的位置编号为 125,077。在

比对序列中,有615个变异位点,占叶绿体基因组序列总长度的~0.502%;有分类价值的单核苷酸多态位点合计527个,占叶绿体基因组序列总长度的~0.430%,占变异位点总数的~85.691%。有分类价值的527个单核苷酸多态位点可以用来区分开8个种/变种,作为分子分类性状纳入分子鉴定检索表(图1)。其中,第71013个变异位点含有3类不同的核苷酸。

物种特有的单核苷酸多态位点的数目存在种间差异。喜马拉雅红杉(133个)、新疆落叶松(124个)和欧洲落叶松(100个)的单核苷酸多态位点的数目较多,是日本落叶松(23个)的5~6倍,是另外4个种/变种(落叶松原变种、千岛落叶松、黄花落叶松和凯杨德落叶松)(5~10个)的10~20倍(表2)。

落叶松原变种、黄花落叶松、凯杨德落叶松以及千岛落叶松(在线裸子植物数据库官网https://www.conifers.org/pi/Larix_gmelinii_japonica.php)两两之间的遗传距离均较小,低于25,遗传关系较近(表3)。喜马拉雅红杉、新疆落叶松及欧洲落叶松与其余的种/变种之间的遗传距离较大,分别为200多、200以上和90以上(表3),遗传分化明显较大。喜马拉雅红杉与新疆落叶松共同拥有114个独特的单核苷酸多态位点,与其余6个种/变种差异显著,喜马拉雅红杉与新疆落叶松之间的遗传距离大于200,表明二者之间不仅存在一定的近缘关系,而且也存在较大程度的遗传分化。落叶松(原变种)和黄花落叶松之间遗传距离较小,且共同拥有5个独特的单核苷酸多态位点,显示了较为近缘的关系。

单核苷酸多态位点的构成存在物种间差异。喜马拉雅红杉和新疆落叶松的单核苷酸多态位点中,**T**的数量最多,**G**的数量最少;欧洲落叶松的单核苷酸多态位点中,**T**的数量最少,**G**的数量最多(表2)。基于叶绿体全基因组序列数据的分析结果显示,18个样品按照各自所属的种或变种聚类在一起(图2),与形态分类一致。

4. 讨论

在系统位置上,落叶松属植物是松科的一个属,自然分布于亚洲、欧洲和北美洲的北方和温带地区,为冬季落叶的乔木树种,约1 mm宽、约~10 mm长的倒披针状条形的小叶、通常螺旋排列、簇状着生于枝上,在乔木树种中是形态特征较为独特的类群。叶绿体基因组的比对序列中,相同位点的数目(不包括缺失数据missing data和空位gaps)为118,756个,占叶绿体基因组序列总长度的~96.866%,种/变种间相似度较高。

喜马拉雅红杉的球果为圆柱形或卵状圆柱形,苞鳞显著外露,苞鳞的长度比种鳞要长,小枝下垂,在中国植物志中被分类在红杉组内,形态上与落叶松组的树种(本研究中的其余7个种和变种)差异明显。落叶松组的球果为卵球形或狭卵球形,苞鳞的顶端不外露或微微外露,苞鳞的长度比种鳞要短,小枝不下垂。

新疆落叶松的种鳞呈三角状卵形、卵形或近菱形,先端为圆形,通常背面密被略带紫棕色的毛。欧洲落叶松的球果中部的种鳞为近圆形,苞鳞先端的尖头微微露出。落叶松的成熟球果的种鳞为五角状卵形,先端截形或微凹,背面无毛;短枝顶端的叶枕之间有黄白色长柔毛。日本落叶松的球果的种鳞为卵状矩圆形或卵方形,背面有褐色细小疣状突起和短粗毛。幼枝被褐色柔毛。黄花落叶松的球果的种鳞为阔方卵形或方圆形。苞鳞的顶端不外露。千岛落叶松的球果的苞鳞较薄,披针形到长圆状卵形,先端渐尖,具一突出的中脉。凯杨德落叶松 *L. cajanderi* 是 *L. gmelinii* (Rupr.) Kuzen. var. *gmelinii* 的异名(在线世界植物志官网<http://www.worldfloraonline.org/>; 在线生物物种名录(Catalogue of Life)官网<https://www.catalogueoflife.org/>; 英国邱园皇家植物园(Royal Botanic Gardens)在线世界植物(Plans of the world online)官网<https://powo.science.kew.org/>)。

Table 3. Pairwise genetic distances between the eighteen samples of *Larix* based on complete chloroplast genome sequences with deletion of 85 variable base sites which have no value in classification**表 3.** 基于叶绿体全基因组序列(其中不包含 85 个没有分类价值的核苷酸变异位点)的落叶松属 18 个样品之间的遗传距离

No. of sample 样品号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	0																
2	0	0															
3	0	0	0														
4	0.82	0.82	0.82	0.82													
5	0	0	0	0	0.82												
6	14.95	14.95	14.95	14.95	14.95	14.94	14.95										
7	14.95	14.95	14.95	14.95	14.94	14.94	14.94	1.63									
8	14.12	14.12	14.12	14.12	14.12	14.12	14.12	0.82	0.82								
9	21.23	21.23	21.23	21.23	21.23	21.25	21.25	22.43	23.26	22.44							
10	15.51	15.51	15.51	15.51	16.34	15.52	17.44	17.44	16.62	15.52							
11	91.63	91.63	91.63	91.63	92.45	91.64	95.66	96.47	95.68	99.02	96.54						
12	25.79	25.79	25.79	25.79	25.78	25.78	27.82	28.63	27.82	34.12	29.96	105.80					
13	25.80	25.80	25.80	25.80	25.78	25.79	27.82	28.63	27.82	34.12	29.96	105.81	0				
14	25.79	25.79	25.79	25.78	25.78	25.78	27.82	28.63	27.82	34.12	29.96	105.80	0	0			
15	25.79	25.79	25.79	25.78	25.78	25.78	27.82	28.63	27.82	34.12	29.96	105.80	0	0	0		
16	25.79	25.79	25.79	25.79	25.81	25.81	27.84	28.66	27.85	34.12	29.96	105.85	0	0	0	0	
17	210.45	210.45	210.45	211.27	210.46	211.47	212.28	211.46	217.04	214.55	284.43	220.97	221.00	220.98	220.24		
18	218.24	218.24	218.24	218.24	218.24	217.43	219.36	219.32	218.49	230.66	224.84	297.79	232.74	232.74	232.74	233.69	225.74

Notes: the sample numbers are same as shown in Table 1. The data shown in Table 2 is the actual value $\times 10^5$
注: 样品序号同表 1。表 2 中的数据为实际数据乘以 10^5

本研究引入核苷酸分子数据，获得了关于落叶松属植物分类鉴定的较为直观、简明的新认识。日本落叶松的5个体表现为较宽幅的遗传变异(图2及表3)，可能与长期杂交育种有关[26] [27]。通过人工杂交育种拓展遗传背景获取杂种优势的事例很多，例如，兰科(Orchidaceae)的卡特兰属(*Cattleya* Lindl.)的属间杂种数量高达5746个，兰科的7个属(蝴蝶兰属 *Phalaenopsis* Blume、兰属 *Cymbidium* Sw.、卡特兰属、兜兰属 *Paphiopedilum* Pfitz.、石斛属 *Dendrobium* Sw.、文心兰属 *Oncidium* Sw.和万代兰属 *Vanda* W. Jones ex R. Br.)合计有杂种10万多个，包括品种(种)间杂种以及属间杂种[28]。由于理解和概念不同，不同学者的物种标准和范围有很大不同，分类争议较大。

对于记载明确的杂交组合，深入分析各组学层面的遗传变异规律，有助于加深理解不同基因型的分类地位和利用价值，是重要的研究方向之一。在全球范围内全面收集各科属的各种变异类型的代表样品，不仅仅是相关研究团队的事，也应该是标本馆的工作内容，结合标本保存和共享，进行形态和分子水平的比较分析，有助于研制各科属完整的分子分类检索表。基于形态特征建立的经典植物分类系统需要利用新的生物学证据校准和完善。

对21国40个植物标本馆的4500份标本的抽样调查发现，超过50%的热带植物标本存在名称鉴定错误[29]。植物鉴定仍然是具有挑战性的世界性课题。首先，需要有栽培园艺学和育种学相关知识，才能识别出或区分开野生种和杂种。野生种是长期进化的产物，数量有限；杂种是天然杂交或人工杂交产生的后代，杂种的数量与育种规模的大小有关。在分类学研究过程中，野生种和杂种通常是区别对待的。其次，需要分类学和系统发生学相关知识才能理解野生种的分类学地位或系统发生位置；还需要分子生物学、组学和生物信息学相关知识才能理解基因组水平上的分子性状、微观信息及其利用价值与利用方法。植物分类鉴定是多学科联合攻关的创新研究方向之一。

我们的方法原理在芍药属(*Paeonia* L.)[7]、胡桃属(*Juglans* L.)[8]、紫薇属(*Lagerstroemia* L.)[9][30]、柿属(*Diospyros* L.)[10]、鹅掌楸属(*Liriodendron* L.)[30]以及藻类的马尾藻属(*Sargassum* C. Agardh)[31]等类群方面已有发表，对落叶松属植物的首次成功鉴定，表明本方法不仅适用于被子植物和藻类的物种鉴定，也可用于裸子植物的分类鉴定，相关成果也便于人工智能(Artificial Intelligence，简称AI)使用。

落叶松属植物的分类学研究积累了大量资料。中国数字植物标本馆(<http://www.cvh.ac.cn/spms/list.php?taxonName=Larix>)目前有来自国内外的落叶松属植物标本4591份的形态特征图片，中国植物志的中文版(<http://www.ipplant.cn/info/Larix?t=z>)和英文版(<http://www.ipplant.cn/info/Larix?t=foc>)的网络电子版提供了落叶松属植物的详细形态特征描述和全球地理分布信息[2]，但是，并没有收录到落叶松属的全部物种。例如，其中没有关于凯杨德落叶松和千岛落叶松的标本信息。标本数量较多的名称依次为红杉(*L. potaninii* Batal.) (1300份)、落叶松(756份)、华北落叶松(*L. gmelinii* var. *principis-rupprechtii* (Mayr) Pilg.) (410份)、新疆落叶松(396份)、黄花落叶松(283份)、怒江红杉(*L. speciosa* W. C. Cheng & Y. W. Law) (155份)、日本落叶松(217份)、西藏红杉(*L. griffithii* Mast.) (109份)、大果红杉(*L. potaninii* var. *australis* A. Henry ex Hand.-Mazz) (102份)、四川红杉(*L. mastersiana* Rehder & E. H. Wilson) (66份)、喜马拉雅红杉(65份)，太白落叶松(*L. chinensis* Beissn.) (40份)及欧洲落叶松(33份)。

过去100多年来积累了大量的植物标本，标本馆的业务内容除了采集保存标本之外，还包括馆际的借阅、交换和赠送标本，北京的国家植物标本馆的空间已经变得非常有限，很难继续容纳更多的标本。长期以来，标本馆以收集野生种为主，栽培品种只占一小部分。标本馆为植物分类学研究提供第一手科研材料，同时标本数字化工作的推进极大方便了标本数据资源的利用和共享。植物标本的实际情况比较复杂。有的标本最初按照新物种发表，后来发现是杂种。例如，河北核桃(麻核桃) *Juglans hopeiensis* Hu的标本是在野外采集的，最初作为核桃属的1个新种发表，后来经过研究发现，应该是胡桃楸 *Juglans*

mandshurica Maxim.与野生的家核桃 *Juglans regia* L.之间的天然杂交后代。*Paeonia suffruticosa* Andr.这个种名最初发表时依据的是栽培牡丹品种的植株。有的植物种在标本馆可以看到标本，但是在野外找不到活植物。例如，柽柳属的金塔柽柳 *Tamarix jintaenia* P. Y. Zhang et M. T. Liu 和莎车柽柳 *Tamarix sachensis* P. Y. Zhang & M. T. Liu。野外采集到标本的植物，有的是历史上曾经栽培过、后来被逸散到自然界的半栽培化植物。栽培植物品种的标本应该纳入标本馆未来发展的重点收集保存范围之一。

应该设立一些课题，推动积极思考标本馆的发展、挑战与展望，例如，分析各科属植物标本的馆藏现状、评价每个物种在分类鉴定研究过程中最少需要保存多少份标本，展示潜在的各种问题。最初没有意料到的一个收获是正规干燥制作的植物标本，在相对湿度较低的室温保存环境下，几十年后仍然可以提取出 DNA，可以用高通量测序方法获得叶绿体基因组的全长序列。因此，应该重新审视和制定兼顾形态分类和分子研究需求的植物标本的馆藏标准与保存方法，评估是否有必要为每个物种收藏 1300 份标本(如，红杉)才能达到研究目的，超量的标本或不符合规定标准的标本应该如何利用和处理等。标本馆应该由收藏转型为应对全球植物分类研究需求的收集和保存，利用国际间标本馆际免费互赠和交换标本通道逐步完成各科属的全部物种(基因型)标本的补充收集目标[32]，标本馆的现有空间显然远远不够用。干燥的环境条件可以长期保存植物标本和其中的 DNA。应该在交通便利的干旱区(如，敦煌地区)建立备份标本馆设施或标本保存中心，解决标本馆空间不足以及最大限度地避免虫害等对标本的侵蚀等问题，管理成本也较低，保存效果也较好。

感 谢

本研究得到国家林业和草原局北方林木种子检验中心李庆梅老师、中国科学院植物研究所卢思聪老师热情指导，国家植物标本资源库和植物物种信息与大数据平台刘慧圆老师热情讨论。

基金项目

国家自然科学基金项目(No. 31770744)及河北省自然科学基金青年基金项目(C2022402017)。

参考文献

- [1] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志第 7 卷: 落叶松属(松科) [M]. 北京: 科学出版社, 1978. <http://www.cn-flora.ac.cn/>
- [2] Wu, Z.Y., Hong, D.Y. and Raven, P.H. (1999) Flora of China, Volume 4, *Larix* (Pinaceae). Science Press, Beijing and Missouri Botanical Garden Press, St. Louis, 33-37. <http://www.iplant.cn/foc>
- [3] 李林初. 落叶松属的核型及系统位置的研究[J]. 植物分类学报, 1993, 31(5): 405-412. <http://www.plantsystematics.com/CN/Y1993/V31/I5/405>
- [4] 王玲, 卓丽环, 杨传平, 张捷. 兴安落叶松等位酶水平的遗传多样性[J]. 林业科学, 2009, 45(8): 170-174. <http://www.cqvip.com/QK/71135X/201107/31398678.html>
- [5] 张学科, 毛子军, 宋红, 孟斌. 五种落叶松遗传关系的等位酶分析[J]. 植物研究, 2022, 22(2): 224-230. <http://bbr.nefu.edu.cn/CN/Y2002/V22/I2/224>
- [6] Guo, Q., Li, H., Qian, Z., Lu, J. and Zheng, W. (2021) Comparative Study on the Chloroplast Genomes of Five *Larix* Species from the Qinghai-Tibet Plateau and the Screening of Candidate DNA Markers. *Journal of Forestry Research*, **32**, 2219-2226. <https://doi.org/10.1007/s11676-020-01279-4>
- [7] Suo, Z.L., Zhang, C.H., Zheng, Y.Q., et al. (2012) Revealing Genetic Diversity of Tree Peonies at Micro-Evolution Level with Hyper-Variabile Chloroplast Markers and Floral Traits. *Plant Cell Reports*, **31**, 2199-2213. <https://doi.org/10.1007/s00299-012-1330-0>
- [8] Suo, Z.L., Chen, L.N., Pei, D., Jin, X.B. and Zhang, H.J. (2015) A New Nuclear DNA Marker from Ubiquitin Ligase Gene Region for Genetic Diversity Detection of Walnut Germplasm Resources. *Biotechnology Reports*, **5**, 40-45. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2014.11.003>
- [9] Suo, Z.L., Li, W.Y., Jin, X.B. and Zhang, H.J. (2016) A New Nuclear DNA Marker Revealing Both Microsatellite

- Variations and Single Nucleotide Polymorphic Loci: A Case Study on Classification of Cultivars in *Lagerstroemia indica* L. *Journal of Microbial & Biochemical Technology*, **8**, 266-271. <https://doi.org/10.4172/1948-5948.1000296>
- [10] 李文清, 杨勇, 解孝满, 鲁仪增, 常青, 靳晓白, 索志立. E3 泛素-蛋白连接酶 UPL3 DNA 序列揭示德阳柿和油柿为栽培柿的最近缘物种[J]. 农业科学, 2018, 8(6): 657-673. <https://doi.org/10.12677/hjas.2018.86100>
- [11] LePage, B.A. and Basiger, J.F. (1995) The Evolutionary History of the Genus *Larix* (Pinaceae). United States Department of Agriculture, Forest Service, Intermountain Research Station, General Technical Report GTR-INT-319, U.S. Department of Agriculture Forest Service, Washington DC, 19-29.
- [12] 毛子军, 王秀华, 周丹, 杨永富. 落叶松属系统学研究概况[J]. 东北林业大学学报, 1999, 27(2): 39-44. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-5382.1999.02.010>
- [13] 洪德元. 生物多样性事业需要科学、可操作的物种概念[J]. 生物多样性, 2016, 24(9): 979-999. <https://doi.org/10.17520/biods.2016203>
- [14] Bondar, E.I., Putintseva, Y.A., Oreshkova, N.V. and Krutovsky, K.V. (2019) Siberian Larch (*Larix sibirica* Ledeb.) Chloroplast Genome and Development of Polymorphic Chloroplast Markers. *BMC Bioinformatics*, **20**, Article No. 38. <https://doi.org/10.1186/s12859-018-2571-x>
- [15] Kim, S.-C., Lee, J.-W., Lee, M.-W., Baek, S.-H. and Hong, K.-N. (2018) The Complete Chloroplast Genome Sequences of *Larix kaempferi* and *Larix olgensis* var. *koreana* (Pinaceae). *Mitochondrial DNA Part B*, **3**, 36-37. <https://doi.org/10.1080/23802359.2017.1419092>
- [16] Li, B., Lin, F.R., Huang, P., Guo, W. and Zheng, Y. (2022) Development of Nuclear SSR and Chloroplast Genome Markers in Diverse *Liriodendron chinense* Germplasm Based on Low-Coverage Whole Genome Sequencing. *BMC Biological Research*, **53**, Article No. 21. <https://doi.org/10.1186/s40659-020-00289-0>
- [17] Dong, W.P., Xu, C., Li, D.L., et al. (2016) Comparative Analysis of the Complete Chloroplast Genome Sequences in Psammophytic *Haloxylon* Species (Amaranthaceae). *PeerJ*, **4**, e2699. <https://doi.org/10.7717/peerj.2699>
- [18] Dong, W.P., Xu, C., Li, W.Q., et al. (2017) Phylogenetic Resolution in *Juglans* Based on Complete Chloroplast Genomes and Nuclear DNA Sequences. *Frontiers in Plant Science*, **8**, Article 1148. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01148>
- [19] Xu, C., Dong, W.P., Li, W.Y., et al. (2017) Comparative Analysis of Six *Lagerstroemia* Complete Chloroplast Genomes. *Frontiers in Plant Science*, **8**, Article 15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00015>
- [20] Li, W.Q., Liu, Y.L., Yang, Y., et al. (2018) Interspecific Chloroplast Genome Sequence Diversity and Genomic Resources in *Diospyros*. *BMC Plant Biology*, **18**, Article No. 210. <https://doi.org/10.1186/s12870-018-1421-3>
- [21] Dong, W.P., Xu, C., Liu, Y.L., et al. (2021) Chloroplast Phylogenomics and Divergence Times of *Lagerstroemia* (Lythraceae). *BMC Genomics*, **22**, Article No. 434. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07769-x>
- [22] Guo, C., Liu, K.J., Li, E.Z., et al. (2023) Maternal Donor and Genetic Variation of *Lagerstroemia indica* Cultivars. *International Journal of Molecular Sciences*, **24**, Article No. 3606. <https://doi.org/10.3390/ijms24043606>
- [23] Katoh, K. and Standley, D.M. (2013) MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Molecular Biology and Evolution*, **30**, 772-780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- [24] Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K. (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, **33**, 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- [25] Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., et al. (2017) DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. *Molecular Biology and Evolution*, **34**, 3299-3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- [26] 张晓放, 董茜, 罗明哲, 于朝龙, 吕晓亮. 日本落叶松育种研究现状及趋势[J]. 林业科技, 2005, 30(3): 10-11. <http://doi.org/10.3969/j.issn.1001-9499.2005.03.004>
- [27] 王若森, 倪伯春. 日本杂交落叶松引种研究[J]. 林业勘探设计, 2009, 152(4): 58-60.
- [28] 卢思聪, 张毓, 石雷, 赵世伟, 等. 世界栽培兰花百科图鉴[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2014: 50-51.
- [29] Goodwin, Z.A., Harris, D.J., Filer, D., et al. (2015) Wide Spread Mistaken Identity in Tropical Plant Collections. *Current Biology*, **25**, R1057-R1069. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.10.002>
- [30] 索志立, 顾翠花, 左云娟, 杨志荣, 孙忠民, 杨强发, 靳晓白. 利用叶绿体基因组大单拷贝区的单核苷酸多态位点鉴定紫薇属和马尾藻属植物[J]. 植物学研究, 2022, 11(2): 218-228. <https://doi.org/10.12677/br.2022.112026>
- [31] 刘儒, 潘文婷, 李斌, 靳晓白, 李锐丽, 索志立. 利用叶绿体全基因组的单核苷酸多态位点对鹅掌楸和北美鹅掌楸的分子鉴定[J]. 农业科学, 2022, 12(11): 1098-1108. <https://doi.org/10.12677/hjas.2022.1211151>
- [32] 王文采, 等. 世界植物简志[M]. 北京: 北京出版集团北京出版社, 2021: 1-172.