

---

# 研究揭示马先蒿属超级条形码未显著提升物种鉴别能力

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36240.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

## 研究揭示马先蒿属超级条形码未显著提升物种鉴别能力

。近年来，完整质体基因组包含更全面的遗传信息，被寄望成为新一代“超级条形码”，尤其在标准条形码难以区分的近缘物种中展现潜力。然而，很少有研究系统探讨分类复杂性会如何影响质体基因组条形码的有效性。这一问题在经历过快速辐射演化的复杂支系中尤为突出。马先蒿属（*Pedicularis*）是被子植物中最大的半寄生植物属之一，全球有将近700种，有超过60%的马先蒿属物种在喜马拉雅-横断山区集中分布，该区域内马先蒿属物种在地理分布、生境以及花形态特征上都展现出了极为丰富的多样性，并且经历了快速的辐射演化。因此，马先蒿属是探究条形码的鉴别机制的理想范例。

为探讨这一问题，中国科学院昆明植物研究所联合西双版纳热带植物园等，对马先蒿属物种进行了系统的条形码研究。研究团队采集了主要分布于中国喜马拉雅-横断山区的96个马先蒿属物种共292份样品，通过基因组浅层测序获取了叶绿体全基因组和核糖体nrITS序列，系统地评估了超级条形码（叶绿体基因组）、传统的标准条形码（*rbcL*、*matK*、*trnH-psbA*、*nrITS*）、叶绿体高变区等片段及组合的物种鉴定效率，并进一步探讨了可能影响物种鉴定效率的内在遗传因素。

研究结果表明，标准DNA条形码在马先蒿这一半寄生植物属中具有与质体基因组尺度条形码相媲美的物种鉴定能力。影响物种鉴定能力的关键因素包括序列比对长度和简约信息位点比例，同时受宽松选择约束的保守基因展现出更强的鉴别能力。研究揭示了马先蒿属内因快速分化、杂交及谱系不完全分选所造成的物种鉴别困境。叶绿体与核标记（如nrITS）之间的系统发育冲突，印证了历史基因渗入与地理隔离的影响，在近期分化的支系中尤为显著。形态特征的趋同演化与隐存物种的形成进一步增加了分类划界的难度，例如在形态上高度一致的物种（如大卫氏马先蒿）中发现了多个独立支系。

这些发现表明，在马先蒿属中，单纯使用质体DNA条形码可能已接近其理论鉴定极限（约80%），剩余的不确定性很可能反映了分类学界定的不一致或质体数据自身的局限性。未来研究需整合

---

核基因组标记，以解析杂交导致的复杂性，验证隐存物种。结合基因组学方法，并加强整合分类学研究，将是准确界定这一快速辐射演化属中物种边界的关键。

相关研究成果以High species discrimination in *Pedicularis* (Orobanchaceae): Plastid genomes and traditional barcodes equally effective via parsimony-informative sites为题，发表在《植物多样性》(Plant Diversity)上。研究工作得到中国科学院、科学技术部和云南省科技厅等的支持。

马先蒿属物种形态多样性



---

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发