

蒙古扁桃叶绿体基因组比较

段春燕¹, 段义忠²

(1.河南科技大学农学院/牡丹学院, 河南 洛阳 471023;

2.榆林学院生命科学学院, 陕西 榆林 719000)

摘要:对濒危植物蒙古扁桃(*Amygdalus mongolica*)叶绿体基因组的序列特征进行对比分析,用 QIAGEN 试剂盒提取蒙古扁桃总 DNA,采用 Illumina HiSeq XTM Ten 平台建库测序,以 KX255667 为参考叶绿体基因序列,组装注释蒙古扁桃叶绿体基因序列取得 NCBI 注册号。研究发现,NCBI 中 3 个蒙古扁桃叶绿体全基因组序列长度为 158 039~158 451 bp,序列长度差异主要在于 LSC 与 IR。蒙古扁桃 3 个序列中具有相同数目的 tRNA 基因及 rRNA 基因,均有 32 个外显子。3 个序列具有相似的密码子使用情况。本研究对蒙古扁桃叶绿体基因组进行结构研究并构建进化树,为研究桃类植物叶绿体基因工程和资源开发提供数据参考。

关键词: 蒙古扁桃; 叶绿体基因组; 高通量测序; 密码子; 进化树

DOI: 10.16590/j.cnki.1001-4705.2023.08.005

中图分类号: S 662.9 文献标志码: A 文章编号: 1001-4705(2023)08-0005-06

Comparison of Chloroplast Genome of *Amygdalus mongolica*

DUAN Chunyan¹, DUAN Yizhong²

(1.College of Agriculture/Peony College, Henan University of Science and Technology, Luoyang Henan 471023, China;

2.College of Life Sciences, Yulin University, Yulin Shaanxi 719000, China)

Abstract: Comparative analysis was conducted on the sequence characteristics of the chloroplast genome in the endangered plant *Amygdalus mongolica*. Total DNA of *A. mongolica* was extracted using QIAGEN kit and sequenced using Illumina HiSeq XTM Ten platform. Using KX255667 as the reference chloroplast gene sequence, the annotated chloroplast gene sequence of *A. mongolica* was assembled to obtain the NCBI registration number. The study showed that the sequence length of the three chloroplast genes of *A. mongolica* in NCBI ranged from 158 039 bp to 158 451 bp, and the difference of sequence length was mainly in LSC and IR. There were the same number of tRNA genes and rRNA genes in the three sequences of *A. mongolica*, of which there were 32 exons in the cpDNA sequences. The three sequences had similar codon usage. In this study, the chloroplast genome structure of *A. mongolica* was studied based on the existing NCBI data and the evolutionary tree was constructed, which provided some data references for the chloroplast gene engineering and resource development of peach plants.

Key words: *Amygdalus mongolica*; chloroplast genome; high throughput sequencing; codon; phylogenetic tree

收稿日期: 2023-02-26

基金项目: 国家自然科学基金(32060095); 河南省特色骨干学科建设——旱地绿色智慧农业学科群(17100001); 河南科技大学博士科研启动基金资助项目(4024-13480114)。

作者简介: 段春燕(1973—), 女(汉族), 河南沁阳人; 博士, 副教授, 研究方向: 植物分子系统学和植物资源学(E-mail: dchy@haust.edu.cn)。

蒙古扁桃(*Amygdalus mongolica*)是我国重点保护植物和濒危植物^[1-3], 中文名山樱桃、土豆子, 蒙名乌兰-布衣勒斯, 为蔷薇科李亚科桃属扁桃亚属植物, 多年生灌木, 耐寒抗旱, 分布于中国贺兰山麓和蒙古高原, 为有潜力的木本油料植物和园林观赏植物, 含有苦杏仁苷, 在其分布生长点被当做传统中药材^[4-9]。植物细胞中的叶绿体为光合作用场所, 主要存在于植物绿色部位, 叶绿体基因组中有光合作用、同化或未知作用以及能量代谢、蛋白质合成相关的基因^[10-13]。蒙古扁桃属于蔷薇科, 蔷薇科和其他种子植物的叶绿体基因组已有报道^[14-22]。叶绿体基因组即 cpDNA (complete chloroplast genome), 其序列在揭示物种形成、物种之间进化情况方面具有重要参考价值^[23]。本研究通过二代测序, 从序列基本特征、序列分化等方面对蒙古扁桃的叶绿体基因组进行对比分析, 以期对濒危物种蒙古扁桃种质资源应用、园林观赏植物开发和培育新品种提供依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

采集蒙古扁桃新鲜幼嫩叶片后装入密封袋用硅胶迅速干燥, 在 -20 °C 冰箱中保存备用。用试剂盒

(德国 QIAGEN) 提取蒙古扁桃全基因组 DNA, 检测合格送样, 在 Illumina HiSeq X™ Ten 平台建库测序。

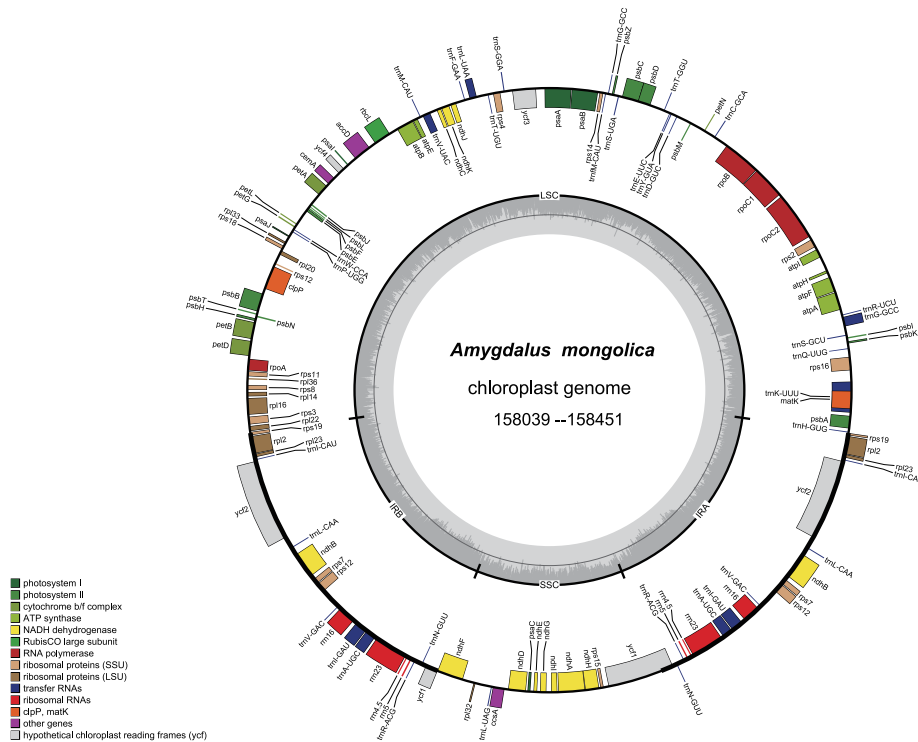
1.2 分析方法

运用 DOGMA、CPGAVAS 和在线软件 OGDRAW 组装注释并绘制呈现蒙古扁桃(*A. mongolica*)叶绿体基因组物理图谱^[2,14,22]。在 NCBI 网站注册得到蒙古扁桃叶绿体基因登陆号码。运用 Mauve、BioEdit、Geneious、Mega 软件对 NCBI 中蒙古扁桃叶绿体基因组的组成、序列基本特征和序列分化情况进行分析; 依据蒙古扁桃和从 NCBI 上下载的其近缘种共 18 个叶绿体基因组序列, 采用 MEGA 与 Geneious 软件用邻接法 (Neighbor-joining method, NJ) 选择 Kimura-2 参数基于 1 000 次自举值 (Bootstrap value) 抽样重复构建系统发育进化树^[2,14,22,24]。

2 结果与分析

2.1 蒙古扁桃 cpDNA 基本特征分析

通过二代测序获得蒙古扁桃叶绿体基因组并获得注册号 MG602256。对 NCBI 中 3 个蒙古扁桃叶绿体基因组基本特征对比研究, 蒙古扁桃叶绿体基因组物理图谱见图 1, 图 2 为叶绿体基因线性结构分段分析。表 1 为叶绿体基因组序列基本特征对比情况。



注: 图内的基因顺时针转录, 图外则逆时针转录, 不同功能的基因以不同的颜色表示, 图内较暗的灰色对应于 GC 含量, 较浅的灰色对应于 AT 含量。

图 1 蒙古扁桃叶绿体基因组图谱

Fig.1 Gene map of *A. mongolica* chloroplast genome

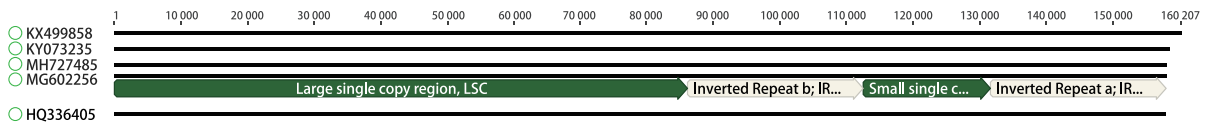


图 2 蒙古扁桃的叶绿体基因组序列 (cpDNA) 四分体结构

Fig.2 Four segments in the chloroplast genome (cpDNA) sequences of *A. mongolica*

蒙古扁桃叶绿体基因组均包含 LSC、SSC、IRA 和 IRB 共 4 个区段(图 1 和图 2)。图 2 中的 HQ336405 为桃 (*Amygdalus persica*) 的叶绿体基因组登陆号, KX499858 为 *Malus trilobata* 叶绿体全基因组登陆号。从图 2 可观察到, 蒙古扁桃的叶绿体基因组包括绿色的大单拷贝区 LSC、浅白色的反向重复区 IRA、绿色的小单拷贝区 SSC 以及浅白色的反向重复区 IRB。 *Malus trilobata* 的叶绿体基因总长度在 5 个基因组中最大, 大于桃与蒙古扁桃。3 个蒙古扁桃叶绿体基因组长度(黑色)与桃相近。3 条蒙古扁桃 cpDNA 序列基本特征总结如表 1 所示。蒙古扁桃叶绿体基因组总长度 $MG602256 < MH727485 < KY073235$, 分别为 158 039 bp、158 074 bp 和 158 451 bp。叶绿体基因四分体结构中 LSC 长度最大, 蒙古扁桃叶绿体基因组 LSC 长度 $MG602256 < MH727485 < KY073235$, 分别为 86 173 bp、86 316 bp 和 86 525 bp。SSC 长度变化差异不大, KY073235 最大, 为 19 144 bp, MH727485 和 MG602256 分别为 18 992 bp, 19 084 bp。蒙古扁桃 cpDNA 中, MG602256 与 KY073235 IRa 长度相同, 均大于 MH727485, 分别为 26 391 bp、26 391 bp 和 26 382 bp。将蒙古扁桃 3 个 cpDNA 序列对比发现, cpDNA 总长度序列差 35~412 bp, 在 LSC、SSC 和 IR 区 3 个区序列差值分别为 143~352 bp、60~152 bp、

0~9 bp, 可得出 LSC 区长度变化范围最大, 大于 IR 区变化范围, 3 个 cpDNA 序列中 SSC 区长度相对稳定, 变化范围最小。由此可见, 蒙古扁桃 cpDNA 序列长度变化主要发生在 LSC 与 IR 区。基因组中外显子数目和 tRNA 和 rRNA 基因数目在 3 个序列中无差异。蒙古扁桃的序列 A/T、C/G 含量以及 AT 含量等变化差值小或无。

2.2 蒙古扁桃 cpDNA 共线性分析

被子植物目前在全球是占有优势的植物类群, 虽然其叶绿体基因组高度保守, 但在长期进化过程中, 往往由于序列发生点突变、DNA 片段插入或丢失以及重复事件, 基因组也会出现重排现象, 选择桃叶绿体基因组作为参考序列, 将蒙古扁桃叶绿体全基因组进行 Mauve 比对(图 3), 结果表明, 蒙古扁桃全叶绿体基因组 3 个序列中均未检测到大片段的基因重排, 具有十分良好的共线性关系。

2.3 蒙古扁桃 cpDNA 密码子分析

3 个序列中 KY073235 密码子数目总数最多, 有 52 817 个; MH727485 总共有 52 691 个密码子; MG602256 密码子总数目最少, 有 52 679 个。分析蒙古扁桃 cpDNA 序列中密码子使用情况和 RSCU 值 (Relative Synonymous Codon Usage)。结果表明, 蒙古扁桃 3 个 cpDNA 序列的密码子类型和数目、RSCU

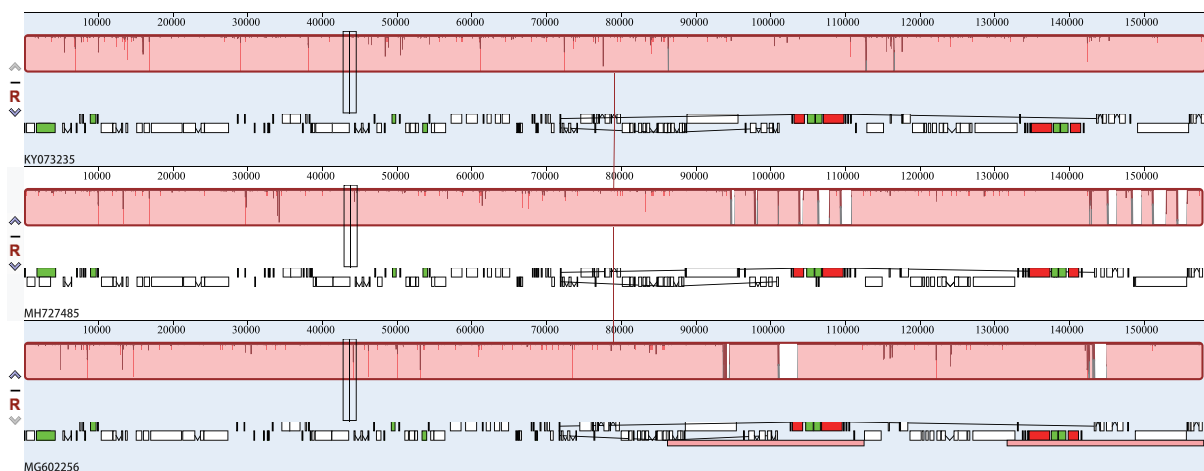


图 3 蒙古扁桃的叶绿体基因组共线性分析

Fig.3 Synteny analysis of chloroplast genomes from *A. mongolica*

情况在图4与图5中分别有相同的变化弯曲,具有物种一致性。第一, MG602256、KY073235和MH727485三个序列中均是编码苯丙氨酸的UUU数目最多,编码精氨酸CGC数目最少;编码亮氨酸密码子数目最多,编码色氨酸密码子类型只有一种UGG,数目最少。如MG602256序列中UUU有2380个,是数目最多的密码子;CGC有271个,是数目最少的密码子;编码亮氨酸的密码子数目最多,达到5171个,占全部密码子总量的9.81%;编码色氨酸的密码子有663个,数目最少,仅占总量的1.26%;第二, MG602256、KY073235和MH727485三个序列中均是UAA为最常用的终止密码子,其数量高于UAG和UGA;如KY073235共有52817个密码子,在所有密码子中,UUU最多,有2296个;而CGC最少,只有257个;UAA是最常用的终止密码子,其数量为1319个,高于UAG(760个)和UGA(993个)。MH727485共有52691个密码子,在所有密码子中,同样是UUU数目最多,有2303个;而CGC类型的密码子最少,只有248个;UAA数目为1226个,高于UGA和UAG的数量。第三, MG602256、KY073235和MH727485三个序列中均是密码子RSCU>1的类型中以A/T碱基结尾的占绝大多数,表明编码蒙古扁桃的密码子具有一定偏好,偏向以A/T结尾,如MG602256中密码子RSCU>1的类型有33个,其中以A/T碱基结尾的有28个,占总数目的84.85%。

表1 蒙古扁桃 cpDNA 特征比较

Table 1 Comparison of cpDNA features in *A. mongolica*

叶绿体基因组特征	登陆号			差别
	MH727485	KY073235	MG602256	
序列长度/bp	158 074	158 451	158 039	35~412
LSC区长度/bp	86 316	86 525	86 173	143~352
SSC区长度/bp	18 992	19 144	19 084	60~152
R区长度/bp	26 382	26 391	26 391	0~9
A含量/%	31.13	31.15	31.13	0~0.02
C含量/%	17.99	17.98	17.99	0~0.01
G含量/%	32.11	32.13	32.12	0.01~0.02
T含量/%	18.77	18.75	18.76	0.01~0.02
GC含量/%	36.76	36.72	36.75	0.01~0.04
AT含量/%	63.24	63.28	63.25	0.01~0.04
exons 数量/个	32	32	32	0
rRNAs 基因数量/个	8	8	8	0
tRNAs 基因数量/个	37	37	37	0

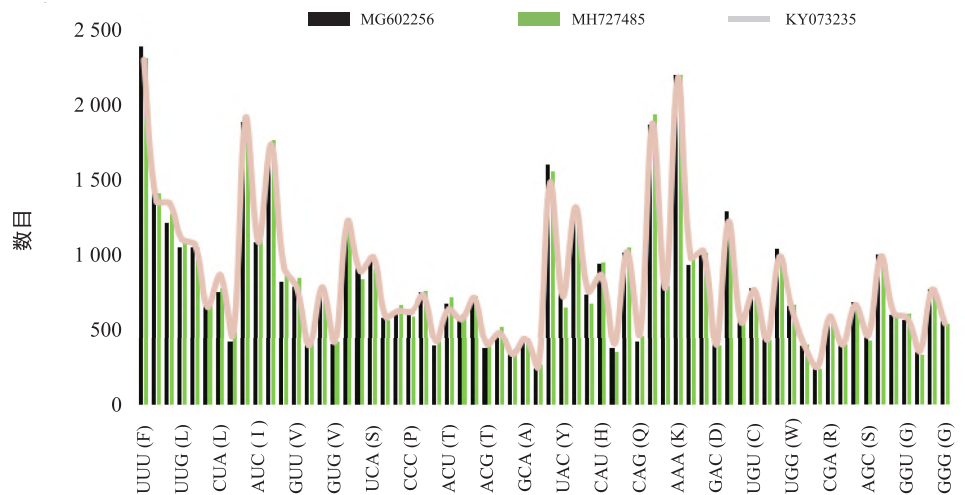


图4 蒙古扁桃 cpDNA 密码子的数目对比

Fig.4 The codon usage numbers of the cpDNA of *A. mongolica*

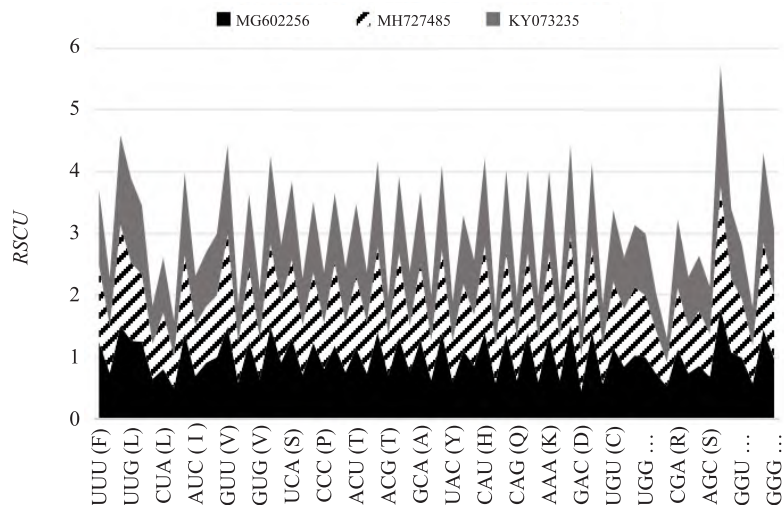


图5 蒙古扁桃 cpDNA 密码子的 RSCU 值对比

Fig.5 The relative synonymous codon usage of the cpDNA of *A. mongolica*

2.4 蒙古扁桃系统演化地位分析

蒙古扁桃在扁桃亚属物种之间其生物学性状特征十分明显, 多年生灌木, 高 1~2 m, 枝条多分枝且伸展铺平, 小枝顶端有明显枝刺^[2-4]。蒙古扁桃是有潜力的具有观赏价值的优良木本油料植物。本研究选取 NCBI 中的蒙古扁桃 cpDNA 序列, 基于已公布的其他物种的叶绿体全基因组数据构建系统进化树(图 6)。结果展示进化树分为两大部分: 以外类群 KX25567 为界, 蒙古扁桃 MG602257 (NC-037850)、KY073235、MH727485 与扁桃、野扁桃聚为一大类; 长柄扁桃与榆叶梅和西康扁桃聚在一起。通过图 5 分析, 蒙古扁桃与扁桃亲缘关系较近, 与长柄扁桃和榆叶梅关系较远。

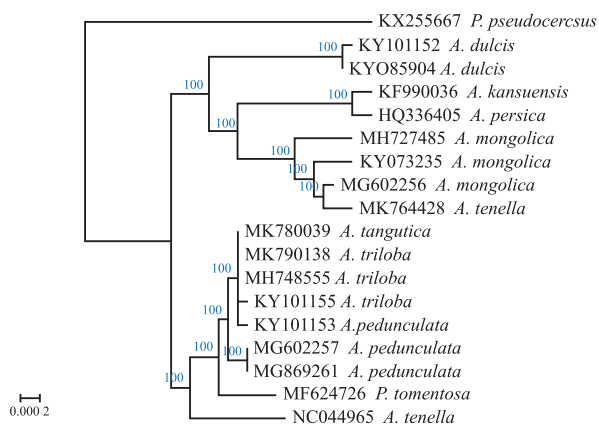


图 6 基于 cpDNA 序列的蒙古扁桃 Geneious NJ 系统发育树

Fig.6 Phylogenetic tree of *A. mongolica* Geneious NJ based on cpDNA sequence

本研究结果与其他学者^[4,25]结论一致。结合形态学特征, 邱蓉等^[4]利用 ITS 序列和叶绿体 psbA-tmH 序列研究了中国扁桃亚属的植物系统发育关系, 认为榆叶梅与长柄扁桃亲缘关系较近, 可能为同一起源。基于染色体核型并结合核基因 DNA 序列, 董山平等^[25]对桃属植物研究认为, 蒙古扁桃、扁桃与桃组的植物有着更近的亲缘关系; 榆叶梅与长柄扁桃归成一组, 可能有着共同的起源。本研究得出蒙古扁桃在扁桃亚属中与扁桃亲缘关系较近。

3 结论与讨论

蒙古扁桃是濒危的木本油料植物, 本研究通过二代测序技术获得蒙古扁桃 cpDNA 全长 158 039 bp, 生物信息学数据分析发现, NCBI 数据库中蒙古扁桃三条全叶绿体基因组结构均为经典四分体, 由 1 个 LSC、2 个 IR 和 1 个 SSC 组成。3 个蒙古扁桃 cpDNA 序列长度相差区间在 35~412 bp 之间。序列长度相差的绝大部分位于 LSC。蒙古扁桃所有叶绿体基因组注释基因类型中, 37 个 tRNA 基因以及 8 个 rRNA 基因

数目与排列情况相同, 8 个 rRNA 基因都在 IR 区内。采用蒙古扁桃和其他物种共 18 条全叶绿体基因组序列数据, 以邻接法构建系统发育树, 发现蒙古扁桃与扁桃在同亚属中物种之间亲缘关系较近。基于叶绿体全基因组的建树情况与邱蓉等^[4]、董山平等^[25]研究结果有相同之处。蒙古扁桃具有多种应用价值和开发潜力, 是我国扁桃亚属中的濒危物种之一, 应加强对其生物多样性和遗传多样性的保护。

参考文献:

- [1] Wang W, Yang T, Wang H, et al. Comparative and Phylogenetic Analyses of the Complete Chloroplast Genomes of Six Almond Species (*Prunus* spp L.) [J]. Nature, 2020, 10(1): 10137.
- [2] Duan Y Z, Shen Y H, Kang F R, et al. Characterization of the complete chloroplast genomes of the endangered shrub species *Prunus mongolica* and *Prunus pedunculata* (Rosales: rosaceae) [J]. Conservation Genetics Resources, 2019, 11(3): 249-252.
- [3] 马松梅, 聂迎彬, 段霞, 等. 蒙古扁桃植物的潜在地理分布及居群保护优先性[J]. 生态学报, 2015, 35(9): 2960-2966.
- [4] 邱蓉, 程中平, 王章利. 中国扁桃亚属植物亲缘关系及其演化途径研究[J]. 园艺学报, 2012, 39(2): 205-214.
- [5] 朱绪春, 乌云塔娜, 姜仲茂, 等. 3 种野生扁桃油脂的理化性质及脂肪酸组成研究[J]. 中国油脂, 2016, 41(3): 93-95.
- [6] 白万富, 石松利, 周红兵, 等. 不同产地蒙古扁桃仁中苦杏仁苷的含量比较[J]. 中国卫生检验杂志, 2015, 25(3): 315-317.
- [7] Deng J, Li C, Wang H, et al. Amygdalin mediates relieved atherosclerosis in apolipoprotein E deficient mice through the induction of regulatory T cells [J]. Biochem Biophys Res Commun, 2011, 411(3): 523-529.
- [8] 赵雁武, 仇农学, 高霞, 等. 苹果籽油对实验性高脂血症大鼠的防治作用[J]. 第四军医大学学报, 2008, 29(6): 556-558.
- [9] 张建新, 张立佳, 王临宾, 等. 黄粉虫油对高脂血症小鼠血脂水平及抗氧化能力的影响[J]. 食品科学, 2011, 32(5): 263-266.
- [10] Smith D R. Evolution: In chloroplast genomes, anything goes[J]. Current Biol, 2017, 27(24): 1305-1307.
- [11] Bobik K, Burch-Smith T M. Chloroplast signaling within, between and beyond cells[J]. Front Plant Sci, 2015, 6: 781.
- [12] Zoschker R, Bock R. Chloroplast translation: Structural and functional organization, operational control, and regulation [J]. Plant Cell, 2018, 30(4): 745-770.

- [13] Daniell H, Lin C S, Yu M, et al. Chloroplast genomes: Diversity, evolution, and applications in genetic engineering [J]. *Genome Biol*, 2016, 17(1): 134.
- [14] Duan C Y, Shen Y H, Zhao G F. Complete chloroplast genome characteristics of *Prunus triloba* Lindl [J]. *Mitochondr DNA Part B Resour*, 2020, 5(1): 504-505.
- [15] Feng Y, Liu T, Wang X Y, et al. Characterization of the complete chloroplast genome of the Chinese cherry *Prunus pseudocerasus* (Rosaceae) [J]. *Conserv Genet Resour*, 2018, 10(1): 85-88.
- [16] Zhang X, Yan J, Ling Q, et al. Complete Chloroplast Genome Sequence of *Prunus davidiana* (Rosaceae) [J]. *Mitochondrial DNA Part B*, 2018, 3(2): 890-891.
- [17] Cho M S, Yang J Y, Kim S C. Complete chloroplast genome of Ulleung Island endemic flowering cherry, *Prunus takesimensis* (Rosaceae), in Korea [J]. *Mitochondr DNA Part B Resour*, 2018, 3(1): 274-275.
- [18] 侯哲, 李昂, 黄长兵. 中国古老月季“月月粉”的叶绿体基因组密码子偏好性分析 [J]. *种子*, 2023, 42(1): 58-64, 109.
- [19] 楼天灵, 袁莉霞, 张国芳, 等. 铁皮石斛叶绿体基因组特征与系统发育分析 [J]. *种子*, 2022, 41(8): 35-41.
- [20] Cho M S, Cho C H, Kim S Y, et al. Complete chloroplast genome of *Prunus yedoensis* Matsum. (Rosaceae), wild and endemic flowering cherry on Jeju Island, Korea [J]. *Mitochondr DNA Part A*, 2016, 27(5): 3652-3654.
- [21] Wang W, Wang H L, Xliao X Z, et al. Characterization of the complete chloroplast genome of longstalk almond (*Prunus pedunculata* (Pall.) Maxim.), an important sand-fixation shrub plant endemic to northern China [J]. *Conservation Genet Resour*, 2019, 11(4): 419-421.
- [22] 段春燕, 张凯, 段义忠. 长柄扁桃叶绿体基因组比较 [J]. *生物工程学报*, 2020, 36(12): 2850-2859.
- [23] 邢少辰, Clarke Jihong Liu. 叶绿体基因组研究进展 [J]. *生物化学与生物物理进展*, 2008, 35(1): 21-28.
- [24] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets [J]. *Mol Biol Evol*, 2016, 33: 1870.
- [25] 董山平. 基于染色体核型和单拷贝核基因 DNA 序列的榆叶梅及其近缘种系统学研究 [D]. 北京: 北京林业大学, 2015.

~~~~~

(上接第 4 页)

#### 参考文献:

- [1] 本刊评论员. 粮食十九连丰来之不易 耕地保护建设固本强基 [J]. *中国农业综合开发*, 2022(12): 1.
- [2] 刘天金, 王玉玺, 宁明宇, 等. 我国玉米种业转型升级的路径与策略探讨 [J]. *中国种业*, 2018(2): 1-7.
- [3] 姚前. 强化制种基地管理 保障玉米良种有效供给 [J]. *中国种业*, 2022(3): 43-45.
- [4] 王雪, 卢雪慧, 杨丽娜, 等. 我国玉米种衣剂应用现状与发展趋势 [J]. *玉米科学*, 2021, 29(3): 63-69, 75.
- [5] 任学祥, 苏贤岩, 闫学梅, 等. 含 OH11 发酵液玉米种衣剂的研制及其对茎基腐病的效果评价 [J]. *中国生物防治学报*, 2022, 38(6): 1566-1571.
- [6] 李伟堂, 李洋, 牛海龙, 等. 单粒播种模式下不同种衣剂对玉米种子出苗率的影响 [J]. *作物杂志*, 2019(1): 191-196.
- [7] 孙成韬, 张小祥. 新型超微粉体玉米种衣剂在东北春播区的应用效果 [J]. *江苏农业科学*, 2015, 43(4): 97-98.
- [8] 姜海燕, 李贺勤, 张文健, 等. 种子包衣对玉米种子贮藏过程中种子活力的影响 [J]. *种子*, 2015, 34(12): 76-80.
- [9] 王三华. 种子包衣对玉米种子贮藏过程中种子活力的影响探讨 [J]. *种子科技*, 2019, 37(16): 14, 16.
- [10] 滕展易. 包衣玉米种子不同含水量的贮藏试验 [J]. *农业与技术*, 2018, 38(8): 48.
- [11] 吕亚娟. 不同含水量的包衣玉米种子贮藏试验 [J]. *山西农业科学*, 2009, 37(5): 76-77.
- [12] 温东强, 邢钊浩, 覃初贤, 等. 玉米种子储藏技术研究 [J]. *农业研究与应用*, 2021, 34(6): 44-49.
- [13] 王振, 邓杰, 高树仁, 等. 老化处理对不同活力玉米种子生理特性的影响 [J]. *黑龙江农业科学*, 2021(11): 7-12.
- [14] 宋仕勤, 杨清龙, 王丹, 等. 东北主推玉米品种种子形态及贮藏物质与萌发期耐冷性的关系 [J]. *作物学报*, 2022, 48(3): 726-738.
- [15] 邓杰, 孔祥飞, 吴姗姗, 等. 老化处理对不同活力玉米种子萌发期及幼苗期生长的影响 [J]. *种子*, 2021, 40(5): 39-44.
- [16] 闫彩清, 王河成, 李凌雨, 等. 种子含水量对玉米发芽率的影响 [J]. *山西农业科学*, 2001, 29(2): 19-20.
- [17] 李洋, 范冬梅, 王秀芬, 等. 单粒精播模式下不同种衣剂包膜对玉米新品种吉单 50 出苗率和产量的影响 [J]. *作物杂志*, 2015(5): 154-157.
- [18] 王秀芬, 范冬梅, 王晶, 等. 玉米新品种吉单 50 的种子处理出苗效果研究 [J]. *种子*, 2014, 33(11): 70-72.

第5页：段春燕，段义忠

## 蒙古扁桃叶绿体基因组比较

对濒危植物蒙古扁桃(*Amygdalus mongolica*)叶绿体基因组的序列特征进行对比分析，用 QIAGEN 试剂盒提取蒙古扁桃总 DNA，采用 Illumina HiSeq X™ Ten 平台建库测序，以 KX255667 为参考叶绿体基因序列，组装注释蒙古扁桃叶绿体基因序列取得 NCBI 注册号。研究发现，NCBI 中 3 个蒙古扁桃叶绿体全基因序列长度为 158 039~158 451 bp，序列长度差异主要在于 LSC 与 IR。蒙古扁桃 3 个序列中具有相同数目的 tRNA 基因及 rRNA 基因，均有 32 个外显子。3 个序列具有相似的密码子使用情况。本研究对蒙古扁桃叶绿体基因组进行结构研究并构建进化树，为研究桃类植物叶绿体基因工程和资源开发提供数据参考。

