

# 中国菊科一新记录种——阿赖山莴苣及其质体基因组特征

曾思维<sup>a,b</sup>, 李乐<sup>a,b</sup>, 罗成文<sup>a,b</sup>, 杨赵平<sup>a,b,①</sup>

(塔里木大学: a. 生命科学与技术学院, b. 塔里木盆地生物资源保护利用省部共建国家重点实验室培养基地, 新疆阿拉尔 843300)

**摘要:** 基于形态学和分子系统学分析, 确定了菊科(Asteraceae)莴苣属(*Lactuca* Linn.)植物*Lactuca alaica* Kovalevsk. 在中国的新分布记录, 并将其中文名拟为阿赖山莴苣。该种的主要形态特征为株高5~15 cm, 总苞片边缘暗紫色, 花序梗被腺毛。基于nrITS序列构建的最大似然树显示: 调查采集的植物样本与NCBI数据库公布的*L. alaica*聚为一支, 自展支持率为100%。该种的质体基因组特征如下: 总长度152 759 bp, 呈现典型的四分结构, 含131个基因, 包括86个蛋白质编码基因、8个rRNA基因和37个tRNA基因。该新记录种的发现, 为中国高等植物增添了新的种质资源, 并为进一步解析中亚植物区系的迁移路径提供了新资料。

**关键词:** 菊科; 阿赖山莴苣; 中国新记录种; 形态特征; 系统发育; 质体基因组

中图分类号: Q948.2; Q949.783.5 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2026)02-0112-05

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2026.02.13

**A newly recorded species of Asteraceae in China—*Lactuca alaica* and its plastome characteristics** ZENG Siwei<sup>a,b</sup>, LI Le<sup>a,b</sup>, LUO Chengwen<sup>a,b</sup>, YANG Zhaoping<sup>a,b,①</sup> (Tarim University: a. College of Life Sciences and Technology, b. State Key Laboratory Incubation Base for Conservation and Utilization of Bio-Resource in Tarim Basin, Alaer 843300, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2026, 35(2): 112–116

**Abstract:** Based on morphological and molecular phylogenetic analyses, *Lactuca alaica* Kovalevsk., a species of the genus *Lactuca* Linn. in Asteraceae, was identified as a new distribution record in China, and proposed a Chinese name. The main morphological characteristics of this species include a height of 5–15 cm, involucre bracts with dark purple margins and peduncles covered with glandular hairs. The maximum likelihood tree constructed on the basis of nrITS sequences shows that the plant sample collected during the survey clusters with *L. alaica* published in the NCBI database with a bootstrap support rate of 100%. The characteristics of its plastome are as follows: a total length of 152 759 bp, exhibiting a typical quadripartite structure, and containing 131 genes, including 86 protein-coding genes, 8 rRNA genes, and 37 tRNA genes. The discovery of this newly recorded species adds new germplasm resources to the higher plants of China, and provides new information for further elucidating the migration routes of the Central Asian flora.

**Key words:** Asteraceae; *Lactuca alaica* Kovalevsk.; newly recorded species in China; morphological characteristics; phylogeny; plastome

莴苣属(*Lactuca* Linn.)是菊科(Asteraceae)的一个草本植物属, 根据Plants of the World Online(<https://powo.science.kew.org/>)记载, 全世界莴苣属植物共有117种, 且广泛分布于世界各地。中国莴苣属植物共计12种, 新疆分布有莴苣(*L. sativa* Linn.)、山莴苣(*L. sibirica* (Linn.) Benth. ex Maxim.)、野莴苣(*L. serriola* Linn.)、裂叶莴苣(*L. dissecta* D. Don)、飘带果(*L. undulata* Ledeb.)、乳苣(*L. tatarica* (Linn.) C. A. Mey.)和雀苣(*L. orientalis* (Boiss.) Boiss.) 7种<sup>[1]</sup>。

乌恰县位于南疆西部, 近年来不断有新类群及中国新分布类群被报道<sup>[2-4]</sup>。2024年7月中旬, 本研究团队在该县采集到1种形态独特且处于花期的莴苣属植物, 该植物在形态

上不能归于中国已有记录的莴苣属种类。结合植株形态学特征及全球生物多样性信息服务网络平台(GBIF, <https://www.gbif.org/>)收录的莴苣属植物标本, 确定该植物的拉丁学名为*Lactuca alaica* Kovalevsk., 中文名拟为阿赖山莴苣, 还基于nrITS序列进行了分子系统学验证, 并分析了其质体基因组特征。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

于2024年7月中旬, 在乌恰县乌鲁克恰提乡玉其塔什草

收稿日期: 2025-08-31

基金项目: 第三次新疆综合科学考察“干旱区生物标本数字化与信息共享网络”子课题项目(2022xjkk150509)

作者简介: 曾思维(1999—), 女, 四川广安人, 硕士研究生, 主要从事植物分类及区系地理研究。

①通信作者 E-mail: yzpzky@163.com

引用格式: 曾思维, 李乐, 罗成文, 等. 中国菊科一新记录种——阿赖山莴苣及其质体基因组特征[J]. 植物资源与环境学报, 2026, 35(2): 112–116.

原采集到新记录种的花期植株(采集号 YZP001543),将其制成腊叶标本,同时,采集嫩叶,拍摄植物照片,记录相关信息。

## 1.2 方法

1.2.1 物种鉴定 对比中国数字植物标本馆(CVH, <https://www.cvh.ac.cn/>)、Global Biodiversity Information Facility (<https://www.gbif.org/>)、JSTOR Global Plants (<https://plants.jstor.org/>)等数字标本平台收录的莴苣属植物标本,并参考《中国植物志》<sup>[5]</sup>、《新疆植物志》<sup>[6]</sup>、《天山维管植物名录》<sup>[7]</sup>、*Flora of the U. S. S. R.*<sup>[8]</sup>、*Conspectus Florae Asiae Mediae*<sup>[9]</sup>等国内外植物志书进行物种鉴定。

1.2.2 基于 nrITS 序列的分子系统学验证 将嫩叶送至天津诺禾致源生物信息科技有限公司,使用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行基因组浅层重测序,目标测序深度为 20×,得到 9.13 Gb 原始测序数据;使用 GetOrganelle v1.7.7.1 软件<sup>[10]</sup>组装 nrDNA;使用 ITSx v1.1.3 软件<sup>[11]</sup>识别并提取 nrITS 序列,上传至 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)。在 NCBI 数据库中下载莴苣属植物和山柳菊(*Hieracium umbellatum* Linn.)的 nrITS 序列;使用 MAFFT v7 软件<sup>[12]</sup>进行序列比对,使用 trimAl v1.5 软件<sup>[13]</sup>修剪序列,获得构树矩阵;使用 IQ-TREE v2.4.0 软件<sup>[14]</sup>构建最大似然树,使用 ModelFinder 软件<sup>[15]</sup>自动检测最佳模型,bootstrap 值设为 1 000;使用 iTOL v6 软件<sup>[16]</sup>对构建的系统发育树进行可视化。

1.2.3 质体基因组特征分析 使用 GetOrganelle v1.7.7.1<sup>[10]</sup>组装质体基因组;使用在线工具 GeSeq (<https://chlorobox.mpimp-golm.mpg.de/geseq.html>)和 CPGAVAS (<http://47.96.249.172:16019/analyzer>)注释质体基因组;使用 Geneious Prime v2025.1.2 软件<sup>[17]</sup>,以同属近缘种乳苣和长叶莴苣(*L. dolichophylla* Kitam.)的质体基因组(登录号分别为 MT845217 和 ON782492)为参考,进行手动校正,并将校正后的质体基因组上传至 NCBI 数据库;最后,使用在线工具 OGDRAW v1.3.1 (<https://chlorobox.mpimp-golm.mpg.de/OGDraw.html>)绘制质

体基因组图谱。

## 2 结果和分析

### 2.1 阿赖山莴苣的形态特征

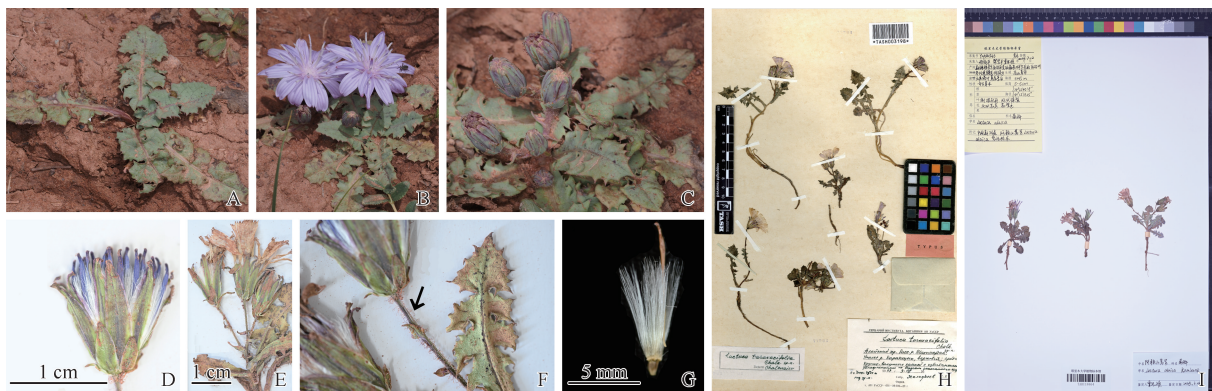
*Lactuca alaica* Kovalevsk., *Opred. Rast. Sred. Azii* 10: 131 (1993); *Lactuca taraxacifolia* Khalkuziev, *Bot. Mater. Gerb. Inst. Bot. Akad. Nauk Uzbeksk. S.S.R.* 19: 59 (1974); non Schum. et Thom (1827).

形态学特征(图 1-A, B, C, D, E, F, G):多年生草本植物,具细的根状茎。茎细弱,株高 8~15 cm。叶片长 5~6 cm,倒披针形;羽状深裂;顶端裂片较大,钝三角形;侧裂片三角状披针形,倒向;叶缘具数个小突尖;叶两面均无毛,网脉明显;莲座状叶丛的基部叶具长柄,中部叶具较短的翅状柄,上部叶近无柄。总苞圆柱状;总苞片 4 层,不呈明显的覆瓦状排列,边缘暗紫色,沿中脉有时具腺毛;中、外层苞片较小,卵形至披针状椭圆形,长 3.0~8.0 mm,宽 1.5~2.0 mm;内层苞片披针形或披针状椭圆形,长 9~11 mm,宽 2~3 mm;头状花序 1~5,排成总状,生于叶腋;花序梗被腺毛;花冠紫色。瘦果光滑无毛,具肋,顶端和基部略窄,顶端呈冠状,冠毛白色。花果期 6—7 月。

分布及生境:国外产地为吉尔吉斯斯坦境内的帕米尔-阿赖山区北部,生于海拔 4 000~4 500 m 的峡谷河岸边的潮湿乱石堆;国内产地为乌恰县乌鲁克恰提乡玉其塔什草原,生于海拔 3 300 m 左右的高山草甸。

模式标本(图 1-H):Alay Range. Basin of the Shakhimardan River, upper reaches of the Karakazik River Gorge. Among large scree stones with excessive moisture along the banks of a dammed lake (4 000–4 500 m a. s. l.). 1967–08–09, fl. fr. immat. Collector: Khalkuziev P. (TAK). Voucher: TASH003198.

凭证标本(图 1-I):新疆省乌恰县乌鲁克恰提乡玉其塔什,高山草甸,海拔 3 235 m,北纬 40° 12' 33.25"、东经



A: 莲座状叶丛 Rosette; B: 全株 Whole plant; C, D: 总苞 Bract; E: 头状花序 Capitulum; F: 腺毛 Glandular trichome; G: 冠毛 Pappus; H: 模式标本 Type specimen; I: 凭证标本 Voucher specimen.

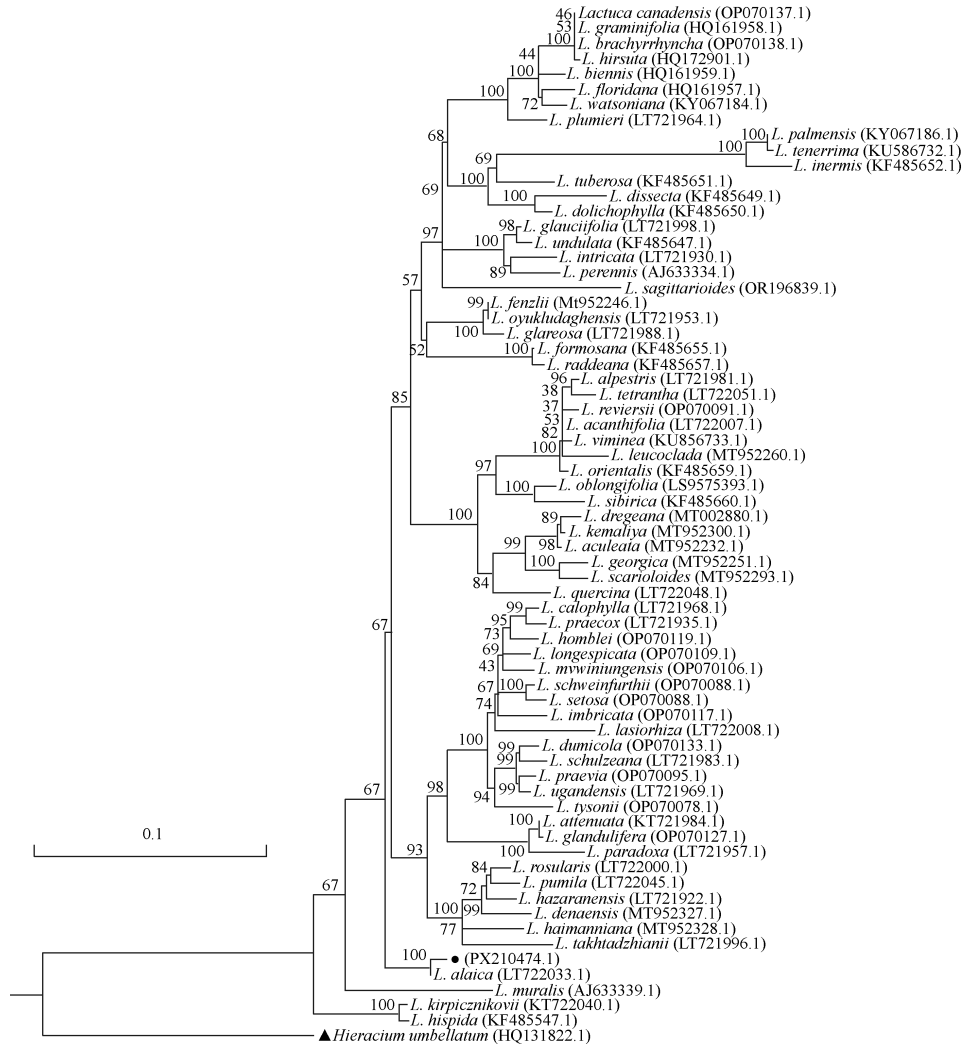
图 1 阿赖山莴苣的形态特征及标本  
Fig. 1 Morphological characteristics and specimens of *Lactuca alaica* Kovalevsk.

74°32'45.39", 2024-07-12, 杨赵平、柴学平、曾思维、李乐, YZP001543。凭证标本保存于塔里木大学植物标本馆 (TARU), 馆藏号 TARU18464。

## 2.2 基于 nrITS 序列的分子验证

以山柳菊为外类群, 基于 NCBI 数据库中莴苣属植物的

nrITS 序列构建最大似然树, 结果显示: 调查采集的植物样本 (登录号 PX210474.1) 与 NCBI 数据库公布的 *L. alaica* (登录号 LT722033.1) 聚为一支, 自展支持率达 100% (图 2)。结合植物的形态学特征, 本研究团队认为调查采集的植物样本的确为 *L. alaica*。



●: 调查采集的植物样本 The plant samples collected during the survey; ▲: 外类群 The outgroup. 分支上的数值为自展支持率, 单位为“%”, The values on the branches represent bootstrap support rates, and the unit is “%”; 括号内编号为 NCBI 数据库的登录号 The numbers in parentheses indicate the accession numbers in the NCBI database; 标尺代表每 10 个核苷酸有 1 个发生替换 The scale bar represents 1 substitution per 10 nucleotides.

图 2 基于 nrITS 序列构建的莴苣属植物的最大似然树

Fig. 2 Maximum likelihood tree of *Lactuca* species based on nrITS sequences

## 2.3 阿赖山莴苣的质体基因组特征

测序组装结果 (表 1) 显示: 阿赖山莴苣的质体基因组 (登录号 PX236117) 全长 152 759 bp, 包括 1 个大单拷贝区 (LSC)、1 个小单拷贝区 (SSC) 和 2 个反向重复区 (IRA 和 IRB)。总体上, GC 含量为 37.7%, 其中, A、T、C、G 含量分别为 31.3%、31.0%、19.1%、18.6%。4 个区域中, LSC 区长度最大, SSC 区长度最小, 分别占质体基因组总长度的 55.0% 和

12.1%; IRA 和 IRB 区长度均为 25 098 bp, 各占质体基因组总长度的 16.4%。比较来看, LSC 和 SSC 区的 A 和 T 含量明显高于 C 和 G, 而 IRA 和 IRB 区 4 个碱基的含量差距相对较小; 并且, LSC 和 SSC 区的 GC 含量低于 IRA 和 IRB 区。

从质体基因组图谱 (图 3) 可见, 阿赖山莴苣质体基因组有 131 个基因, 包括 86 个蛋白质编码基因、8 个 rRNA 基因和 37 个 tRNA 基因。其中, 17 个基因为双拷贝基因, 包括 6 个蛋



## 3 讨论和结论

帕米尔-阿赖山区跨越土库曼斯坦、乌兹别克斯坦、塔吉克斯坦、吉尔吉斯斯坦和中国(喀什地区)<sup>[18]</sup>,是中亚地区公认的植物多样性中心,该区域不仅分布着众多特有物种,而且不断有新类群和新分布类群被报道<sup>[19-21]</sup>。阿赖山莴苣原被认为仅分布于帕米尔-阿赖山区北部(吉尔吉斯斯坦南部),是该地区的特有种。本次调查发现的分布地与阿赖山莴苣已知的独有分布地海拔相差近1 000 m,生境特征也存在较大差异。这一发现不仅为中国高等植物增添了新的种质资源,为今后开展系统发育生物地理学研究提供了关键材料,也为进一步揭示中亚植物区系的迁移路径提供了新资料。

## 参考文献:

- [1] WU Z Y, RAVEN P H, HONG D Y. Flora of China: Vol. 20/21 [M]. Beijing: Science Press, 2011: 233-238.
- [2] YANG L, LIU D, WANG C, et al. *Ferula diversifolia* sp. nov. (Apiaceae) from Xinjiang, China [J]. Nordic Journal of Botany, 2025, 2025(3): e04639.
- [3] 刘鲁峰, 彭敬宜, 刘冰, 等. 紫堇属—中国新记录种: 假灰绿黄堇 [J]. 植物科学学报, 2025, 43(4): 430-434.
- [4] 曾思维, 王媚臻, 刘军, 等. 中国秋水仙科—新记录属: 秋水仙属 [J]. 植物科学学报, 2026, 44(1): 1-8.
- [5] 中国植物志编辑委员会. 中国植物志: 第八十卷第一分册 [M]. 北京: 科学出版社, 1997: 70-72.
- [6] 新疆植物志编辑委员会. 新疆植物志: 第五卷 [M]. 乌鲁木齐: 新疆科技卫生出版社, 1999: 439-444.
- [7] 潘伯荣. 天山维管植物名录 [M]. 南京: 东南大学出版社, 2021: 632-633.
- [8] KOMAROV V L. Flora of the U. S. S. R.: Vol. XXIX [M]. Washington, D. C.: Smithsonian Institution Libraries, 2000: 272-277.
- [9] ADYLOV T A, ZUCKERWANK T I. Conspectus Florae Asiae Mediae: Tom. X [M]. Tashkent: Editio Academiae Scientiarum Reipublicae Uzbekistan, 1993: 126-128.
- [10] JIN J J, YU W B, YANG J B, et al. GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes [J]. Genome Biology, 2020, 21: 241.
- [11] BENGTSSON-PALME J, RYBERG M, HARTMANN M, et al. Improved software detection and extraction of ITS1 and ITS2 from ribosomal ITS sequences of fungi and other eukaryotes for analysis of environmental sequencing data [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2013, 4: 914-919.
- [12] KATO H K, STANDLEY D M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability [J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(4): 772-780.
- [13] CAPELLA-GUTIÉRREZ S, SILLA-MARTÍNEZ J M, GABALDÓN T. trimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses [J]. Bioinformatics, 2009, 25(15): 1972-1973.
- [14] MINH B Q, SCHMIDT H A, CHERNOMOR O, et al. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era [J]. Molecular Biology and Evolution, 2020, 37(5): 1530-1534.
- [15] KALYAANAMOORTHY S, MINH B Q, WONG T K F, et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates [J]. Nature Methods, 2017, 14(6): 587-589.
- [16] LETUNIC I, BORK P. Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool [J]. Nucleic Acids Research, 2024, 52: W78-W82.
- [17] KEARSE M, MOIR R, WILSON A, et al. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data [J]. Bioinformatics, 2012, 28(12): 1647-1649.
- [18] KHASSANOV F O, TURGINOV O, KHUDZHANAZAROV U, et al. Chapter 4: the vegetation of the Pamir-Alay mountainous system in Middle Asia [M] // ÖZTÜRK M, KHAN S M, ALTAY V, et al. Biodiversity, Conservation and Sustainability in Asia Volume 2: Prospects and Challenges in South and Middle Asia. Cham: Springer Nature Switzerland AG, 2022: 53-65.
- [19] KHASSANOV F O, PULATOV S, ASATULLOEV T, et al. *Allium sunhangi*: a new species from section *Brevidentia* F. O. Khass. & Iengal. (Amaryllidaceae) from Southern Pamir-Alay, Uzbekistan [J]. PhytoKeys, 2023, 219: 35-48.
- [20] SHCHEGOLEVA N V, NIKITINA E V, JURANURODOV I J, et al. A new species of *Ranunculus* (Ranunculaceae) from Western Pamir-Alay, Uzbekistan [J]. PhytoKeys, 2022, 193: 125-139.
- [21] ISLOMIDDINOV Z Sh, MUSTAFAEV I M, VOLOBUEV S V, et al. Six species of Agaricomycetes, new to the Pamir-Alay Mountains (Uzbekistan part) [J]. Микология и Фитопатология, 2023, 57(6): 447-450.

(责任编辑: 佟金凤)