

# 全国大学英语四级考试 成绩报告单



姓名：丁淑金  
学校：西南林业大学  
院系：林学院  
身份证号：

## 笔 试

准考证号：530060211110322

考试时间：2021年6月

总分	听力 (35%)	阅读 (35%)	写作和翻译 (30%)
436	133	153	150

## 口 试

准考证号：--

考试时间：--

等级	--
----	----

成绩报告单编号：211153006002625



校验码：26B9 PA7U JZH8 H0JR



# 油麦吊云杉叶绿体基因组特征及密码子偏性分析

丁淑金<sup>1,2</sup>, 魏健生<sup>2,3</sup>, 陆莹玲<sup>2</sup>, 马福仙<sup>1,2</sup>, 原晓龙<sup>2,3</sup>, 耿云芬<sup>2,3</sup>, 王毅<sup>2,3</sup>, 张汉尧<sup>1</sup>

(1. 西南林业大学 a. 林学院; b. 西南地区生物多样性保育国家林业和草原局重点实验室, 云南 昆明 650224; 2. 云南省林业科学院 a. 云南省森林植物培育与开发利用重点实验室; b. 国家林业和草原局云南珍稀濒危森林植物保护和繁育重点实验室, 云南 昆明 650201; 3. 哈巴雪山省级自然保护区管护局, 云南 迪庆 674402)

**摘要:** 【目的】分析油麦吊云杉 cpDNA 的特征和密码子偏好性, 为云杉属植物叶绿体基因组学提供研究依据。

【方法】通过 Illumina HiSeq 测序平台对油麦吊云杉 cpDNA 进行测序, 并利用 Codon W 1.4.2 和 CUSP 软件对其密码子偏性进行分析。【结果】油麦吊云杉 cpDNA 是一个全长为 124 161 bp 的环状 DNA 分子, 与典型的具有保守的四分体 cpDNA 结构不同, 油麦吊云杉 cpDNA 中存在反向重复区域的丢失, 其 cpDNA 的 GC 含量为 38.7%。油麦吊云杉 cpDNA 包含 113 个基因, 其中蛋白质编码基因 76 个, 核糖体 RNA 基因 4 个, 转运 RNA 基因 33 个, 系统发育分析显示, 油麦吊云杉和西加云杉聚为一个独特的分支, 油麦吊云杉 cpDNA 密码子不同位置上的 GC 含量从低到高依次是 GC<sub>3</sub> (49.39%) < GC<sub>2</sub> (40.73%) < GC<sub>1</sub> (30.48%), 表明其 cpDNA 密码子末位碱基偏好以 A 和 U 结尾; 油麦吊云杉 cpDNA 中编码基因的 ENC 值 > 45 的占 86%, 表明其密码子的偏性较弱; GC<sub>12</sub> 和 GC<sub>3</sub> 的相关性不显著 ( $r=0.166\ 4$ ,  $b=-0.157\ 7$ ); ENC 频数比值分布在 -0.05 ~ 0.05 的基因频率占比 57%, 说明油麦吊云杉叶绿体基因组 CUB 受选择影响的同时也受到其他因素影响; 油麦吊云杉 cpDNA 中大部分基因分布在 PR2 平面图的右下方, 即 T > A、G > C, 说明在油麦吊云杉叶绿体基因组密码子的偏好性受选择、突变等因素的影响。最终 UCU、AAA、GGU、GCA、GUU、UGU、UCC、CAU、GCU、CGU、GAA 和 AUU 等 12 个密码子被确定为油麦吊云杉叶绿体基因组的最优密码子。【结论】油麦吊云杉 cpDNA 密码子偏好使用 A 或 U 结尾的密码子, 选择和突变是其 CUB 的主要影响因素。

**关键词:** 油麦吊云杉; 叶绿体基因组; 密码子偏好性; 最优密码子

中图分类号: S792.35; S685.14

文献标志码: A

文章编号: 1673-923X(2023)04-0156-08

## Characteristics and codon usage bias of *Picea brachytyla* var. *complanata* chloroplast genome

DING Shujin<sup>1,2</sup>, WEI Jiansheng<sup>2,3</sup>, LU Yingling<sup>2</sup>, MA Fuxian<sup>1,2</sup>, YUAN Xiaolong<sup>2,3</sup>, GENG Yunfen<sup>2,3</sup>, WANG Yi<sup>2,3</sup>, ZHANG Hanyao<sup>1</sup>

(1.a. College of Forestry; b. The Key Laboratory of Biodiversity Conservation of Southwest China, National Forestry and Grassland Administration, Southwest Forestry University, Kunming 650224, Yunnan, China; 2.a. Yunnan Provincial Key Laboratory of Cultivation and Exploitation of Forest Plants; b. Conservation of Rare, Endangered & Endemic Forest Plants, Public Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration, Yunnan Academy of Forestry, Kunming 650201, Yunnan, China; 3. Haba Snow Mountain Provincial Nature Reserve Management and Protection Bureau, Diqing 674402, Yunnan, China)

**Abstract:** 【Objective】 This study was designed to analyze the codon usage bias and characteristics of the *Picea brachytyla* var. *complanata* chloroplast genome to provide a theoretical basis for the research of *P. brachytyla*. 【Method】 The chloroplast genome of *P. brachytyla* was sequenced using the Illumina HiSeq platform. Using CodonW 1.4.2 and the online software CUSP, we performed analysis on the codons of the *P. brachytyla* chloroplast genes and explored the influencing factors for codon preference. 【Result】 The cpDNA was a circular DNA molecule with a total length of 124,161bp. Unlike the typical chloroplast genome with a conserved quadripartite structure, the chloroplast genome of *P. brachytyla* exhibited a loss of inverted repeat regions, and the GC content was

收稿日期: 2021-07-18

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860177); 昆明市国际(对外)科技合作基地(GHJD-2020031); 云南省产业技术领军人才项目(YNWR-CYJS-2018-037); 云南低碳发展引导专项(2021135); 云南省中青年学术和技术带头人后备人才项目(202205AC160044)。

第一作者: 丁淑金(1273843885@qq.com), 硕士研究生。

通信作者: 耿云芬(1054127300@qq.com), 正高级工程师; 原晓龙(xiaolong@126.com), 助理研究员。

引文格式: 丁淑金, 魏健生, 陆莹玲, 等. 油麦吊云杉叶绿体基因组特征及密码子偏性分析[J]. 中南林业科技大学学报, 2023, 43(4): 156-163, 190.

DING S J, WEI J S, LU Y L, et al. Characteristics and codon usage bias of *Picea brachytyla* var. *complanata* chloroplast genome[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2023, 43(4): 156-163, 190.



分子植物育种  
*Molecular Plant Breeding*  
ISSN 1672-416X, CN 46-1068/S

## 《分子植物育种》网络首发论文

题目：阿丁枫全基因组 Survey 分析  
作者：丁淑金，原晓龙，耿云芬，王毅，张汉尧，马福仙，张劲峰  
网络首发日期：2023-06-04  
引用格式：丁淑金，原晓龙，耿云芬，王毅，张汉尧，马福仙，张劲峰. 阿丁枫全基因组 Survey 分析[J/OL]. 分子植物育种.  
<https://kns.cnki.net/kcms2/detail/46.1068.S.20230602.1535.017.html>



**网络首发：**在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

**出版确认：**纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

## 研究报告

## Research Report

# 阿丁枫全基因组 Survey 分析

丁淑金<sup>1,2</sup> 原晓龙<sup>2</sup> 耿云芬<sup>2\*</sup> 王毅<sup>2\*</sup> 张汉尧<sup>1</sup> 马福仙<sup>1,2</sup> 张劲峰<sup>2</sup>

1 西南林业大学林学院, 西南地区生物多样性保育国家林业局重点实验室, 昆明 650224; 2 云南省林业科学院, 云南省森林植物培育与开发利用重点实验室, 国家林业局云南珍稀濒危森林植物保护和繁育重点实验室, 昆明, 650201

\*共同通信作者, gyf885565@126.com; wangyiyaf@126.com

**摘要** 阿丁枫(*Altingia chinensis*)是园林绿化观赏及药用树种, 也是培养香菇的优良材料。该研究将已知基因组大小的玉米作为对照, 采用流式细胞术估算阿丁枫基因组大小, 然后利用高通量测序技术对阿丁枫基因组进行 survey 分析。研究结果如下: (1)通过流式测定阿丁枫基因组大小约为 655.26±19.56Mb; (2)高通量测序获得原始数据 33.34Gb, 处理后得到约 28.71Gb 的 Clean data, 数据质量良好; (3)k-mer 分析预估阿丁枫基因组为高杂合基因组, 基因组大小为 650.77Mb 左右, 杂合度为 2.2%左右, GC 含量为 37.40%。分析阿丁枫基因组大小、杂合度、重复序列比例等基本信息, 为制定阿丁枫的全基因组 de novo 测序策略提供有效依据。

**关键词** 阿丁枫; 流式细胞术; 全基因组 Survey 分析; 基因组大小

## Genome Survey Analysis in *Altingia Chinensis*

Ding Shujin<sup>1,2</sup> Yuan Xiaolong<sup>2</sup> Geng Yunfen<sup>2</sup> Wang Yi<sup>2</sup> Zhang Hanyao<sup>1</sup> Ma Fuxian<sup>1,2</sup> Zhang Jinfeng<sup>2</sup>

1 The Key Laboratory of Biodiversity Conservation of Southwest China State Forestry Administration, College of Forestry, Southwest Forestry University, Kunming 650224; 2 Yunnan Provincial Key Laboratory of Cultivation and Exploitation of Forest Plants, Conservation of Rare, Endangered & Endemic Forest Plants, Public Key Laboratory of the State Forestry Administration, Yunnan Academy of Forestry, Kunming, 650201

\* Co-corresponding authors, gyf885565@126.com; wangyiyaf@126.com

**Abstract** A dingfeng (*Altingia chinensis*) is a kind of ornamental and medicinal tree species, and also an excellent material for cultivating *lentinula edodes*. In this study, *Zea mays* with known genome size was used as a control. Flow cytometry was used to estimate the genome size of *A. chinensis*. High-throughput sequencing technology was used to survey the genome of *A. chinensis*. The results were as follows: (1) The genome size of *A. chinensis*