

柴胡属叶绿体基因组分析及其特异 DNA 条形码研究

张 瑜, 王 宁, 董妙雅, 边永欣, 薛美昭, 詹海仙, 杜晨晖*

山西中医药大学中药与食品工程学院, 山西 晋中 030619

摘要: **目的** 基于药用柴胡属 4 个物种的叶绿体全基因组数据筛选物种鉴定 DNA 分子标记。**方法** 基于已发表的柴胡属植物叶绿体基因组序列, 利用生物信息学方法对其叶绿体基因组进行分析, 并基于叶绿体基因组高变区开发精准鉴别柴胡药材 4 个基原物种的特异 DNA 条形码, 最后进行验证。**结果** 4 个物种叶绿体基因组大小在 155 478~178 668 bp, 呈典型四分体结构。基于高变区设计的 2 对引物均可对 55 份样品有效扩增, 测序结果分析证明 rps16-psbK 和 petN-psbM 均可作为特异 DNA 条形码准确鉴定北柴胡 *Bupleurum chinense*、狭叶柴胡 *B. scorzonrifolium*、藏柴胡 *B. smithii* 和黑柴胡 *B. marginatum* var. *stenophyllum*。**结论** 利用比较叶绿体基因组学筛选的特异 DNA 条形码 rps16-psbK 和 petN-psbM 可实现对柴胡药材 4 个基原物种的精准分类鉴定, 为保障柴胡药材临床用药安全、规范柴胡药材市场秩序提供重要科学支撑。

关键词: 柴胡; 柴胡属; 叶绿体基因组; 基原鉴定; 特异 DNA 条形码

中图分类号: R282.16 文献标志码: A 文章编号: 0253-2670(2026)19-7799-08

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2026.19.023

Analysis of chloroplast genome and study of their specific DNA barcode in *Bupleurum*

ZHANG Yu, WANG Ning, DONG Miaoya, BIAN Yongxin, XUE Meizhao, ZHAN Haixian, DU Chenhui

School of Chinese Materia Medica and Food Engineering, Shanxi University of Chinese Medicine, Jinzhong 030619, China

Abstract: Objective To screen species and identify DNA molecular markers based on the chloroplast whole genome data of four species of the genus *Bupleurum* for medicinal use. **Methods** Based on the published chloroplast genome sequences of *Bupleurum* plants, the chloroplast genome was analyzed using bioinformatics methods. A specific DNA barcode for accurately identifying the four original species of *Bupleurum* medicinal materials was developed based on the hypervariable regions of the chloroplast genome, and then verified. **Results** The chloroplast genomes of four species ranged in size from 155 478—178 668 bp. All the four genomes were represented as typical quadripartite structures. Two pairs of primers based on the hypervariable regions were designed to efficiently amplify 55 samples. The analysis of sequencing results confirmed that two hypervariable regions, rps16-psbK and petN-psbM, can be used as specific DNA barcodes for the identification of *Bupleurum chinense*, *B. scorzonrifolium*, *B. smithii* and *B. marginatum* var. *stenophyllum*. **Conclusion** The specific DNA barcodes rps16-psbK and petN-psbM, screened by comparative chloroplast genomics, could achieve precise classification and identification of the four original species of *Bupleurum* medicinal materials, providing important scientific support for ensuring the safety of clinical use and regulating the market order of *Bupleurum* medicinal materials.

Key words: *Bupleuri Radix*; *Bupleurum* L.; chloroplast genome; original species identification; specific DNA barcode

柴胡属 *Bupleurum* L. 植物全球分布 100 余种, 我国有 36 种 17 个变种 7 个变型, 主产于西北及西南高原地区^[1]。《中国药典》2025 年版^[2]规定柴胡为

伞形科柴胡属药用植物北柴胡 *Bupleurum chinense* DC. 或狭叶柴胡 (南柴胡) *B. scorzonrifolium* Willd. 的干燥根, 具有疏散退热、疏肝解郁、升举阳气的

收稿日期: 2026-04-22

基金项目: 山西省科学技术厅山西省科技创新人才团队项目 (202304051001020); 山西省中医药重点研究室建设项目 (zyyyjs2024024); 山西省中医药管理局中医药创新团队项目 (zyytd2024026); 山西中医药大学科技创新团队项目 (2022TD2009); 山西中医药大学科技创新能力培育计划 (2024PY-JL-10-01); 山西中医药大学博士科研启动资金 (2023BK41); 2025 年度中医药产业发展现代化支撑项目 (2025zyycy02)

作者简介: 张 瑜 (1982—), 副教授, 主要从事分子生药学研究。E-mail: zhangyu@sxtcm.edu.cn

***通信作者:** 杜晨晖 (1981—), 教授, 主要从事中药药效物质基础研究。E-mail: dch@sxtcm.edu.cn

功效,可用于感冒发热、寒热往来、胸胁胀痛等。现代药理研究表明,柴胡具有抗抑郁、解热、抗癫痫、抗炎、抗肿瘤、保肝等诸多作用^[3-6]。此外,其他柴胡属植物在民间也作药用。据报道,在我国共有 25 种 8 变种 3 变型柴胡属植物作为药用。其中,黑柴胡 *B. smithii* H. Wolff 在宁夏、甘肃、山西等省份被列入为地方药材标准,藏柴胡 *B. marginatum* var. *stenophyllum* (Wolff) 在贵州省药材标准中以“竹叶柴胡”的名称收载^[7]。柴胡作为中医处方中的常用药材,其品质的优劣决定其疗效。尽管黑柴胡和藏柴胡等其他药用柴胡在其产地已有药用历史,但目前对其他药用柴胡的质量评价尚未形成统一的标准。鉴于柴胡在临床实践中常以复方制剂形式应用,且其整体药效与安全性尚未完全阐明,在此前提下,以其他药用柴胡替代柴胡使用存在显著风险^[8]。因此,开展药用柴胡的基原鉴别研究具有重要的科学意义。

叶绿体拥有独立的遗传物质,相对分子质量较小,基因组成和结构相对保守,分子进化速度适中^[9]。随着高通量测序技术和生物信息学的快速发展,多种植物的叶绿体基因组已经解析^[10-12]。相比于传统条形码,叶绿体基因组包含更丰富的变异位点,能够呈现更高精度的物种辨识能力,从而更加准确地反映出不同物种的遗传背景和特性^[13]。目前,叶绿体基因组作为超级条形码已广泛应于近缘或易混淆中药材的种类鉴定,同时从叶绿体全基因组高变异区域选择的序列也已被用于物种鉴定研究^[14-22]。目前已开展利用叶绿体基因组开发特异 DNA 条形码鉴定大黄药材基原物种^[23]、酸枣^[24]、藏药“解吉”^[25]等的研究。王馨等^[26]利用比较叶绿体基因组学筛选的特异 DNA 条形码可用于北柴胡种内种质资源鉴定。但是基于柴胡属种间叶绿体比较基因组学开发特异 DNA 条形码的研究鲜有报道。因此本研究拟基于叶绿体基因组开发有效鉴别北柴胡、狭叶柴胡、藏柴胡和黑柴胡的特异 DNA 条形码,以期用于药用柴胡基原植物、药材、饮片及相关中成药的基原鉴定,为保证柴胡药材临床用药安全、药用柴胡品质评价及保护柴胡药材种质资源奠定基础。

1 材料

用于验证特异 DNA 条形码的药材样品产地采收或购买于河北安国中药材市场和安徽亳州中药材专业市场,共 55 份。经山西中医药大学中药与食品工程学院杜晨晖教授鉴定为北柴胡 *B. chinense*

DC.、狭叶柴胡 *B. scorzonerifolium* Willd.、黑柴胡 *B. smithii* H. Wolff 和藏柴胡 *B. marginatum* var. *stenophyllum* (Wolff), 凭证标本保存于山西中医药大学中药与食品工程学院,具体信息见表 1。

表 1 材料信息

Table 1 Information on plant materials

拉丁名	样品编号	采集或购买地
北柴胡	BCH1~BCH3	山西运城
	BCH4~BCH6	甘肃陇西
	BCH7~BCH10	河北安国中药材市场
	BCH11~BCH15	安徽亳州中药材市场
狭叶柴胡	HCH1~HCH3	内蒙古呼伦贝尔
	HCH4~HCH6	甘肃庆阳
	HCH7~HCH11	河北安国中药材市场
	HCH12~HCH15	安徽亳州中药材市场
黑柴胡	ECH1~ECH3	山西寿阳
	ECH4~ECH6	内蒙古赤峰
	ECH7~ECH10	河北安国中药材市场
藏柴胡	ZCH1~ZCH3	甘肃定西
	ZCH4~ZCH6	甘肃甘南
	ZCH7~ZCH11	安徽亳州中药材市场
	ZCH12~ZCH15	河北安国中药材市场

在 NCBI 数据库中搜索并下载北柴胡 (Genebank 序列号: NC046774.1)、黑柴胡 (Genebank 序列号: OR387522.1)、狭叶柴胡 (Genebank 序列号: MT075712.1)、藏柴胡 (Genebank 序列号: OR508826.1) 的叶绿体基因组序列信息。

2 方法

2.1 叶绿体基因组注释

从 NCBI 数据库下载北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡叶绿体基因组序列。使用 CPGAVAS^[27]软件对下载的叶绿体基因组进行注释,注释后使用 Organellar Genome DRAW (<http://ogdraw.mpimp-golm.mpg.de/cgi-bin/ogdraw.pl>) 在线工具进行图谱绘制。

2.2 叶绿体基因组密码子使用情况分析

采用软件 CodonW (<http://codonw.sourceforge.net>) 分析北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡叶绿体基因组密码子使用情况,计算其 Relative synonymous codon usage (RSCU) 值,进行密码子偏好性分析。将 RSCU 大于 1 作为高频率使用密码子, RSCU 小于 1 作为低频率使用密码子, RSCU 等于 1 作为无偏好性密码子。

2.3 叶绿体基因组比较

使用 mVISTA^[28]在线软件,在 LAGAN 模型下以北柴胡叶绿体基因组为参考序列,对柴胡属 4 个物种的叶绿体基因组进行全局序列比对分析。

2.4 序列多态性分析

为筛选潜在的分子标记位点,利用 DNAsp^[29]软件中滑动窗口法检测柴胡属 4 个物种叶绿体基因组的核苷酸变异程度(P_i),窗口长度为 600 bp,步长为 200 bp。

2.5 DNA 提取

将所有样品放入液氮预冷的研钵中迅速研磨为粉末,采用天根生化科技有限公司的植物基因组提取试剂盒进行 DNA 的提取。使用 NanoDrop Lite 型微量紫外分光光度计和 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度和质量。

2.6 特异 DNA 条形码鉴定分析

筛选叶绿体基因组序列的高变区序列为模板,设计特异性引物。利用收集的 55 份样本分别进行 PCR 扩增验证分子标记的专属性。扩增产物使用琼脂糖凝胶电泳检测并测序。

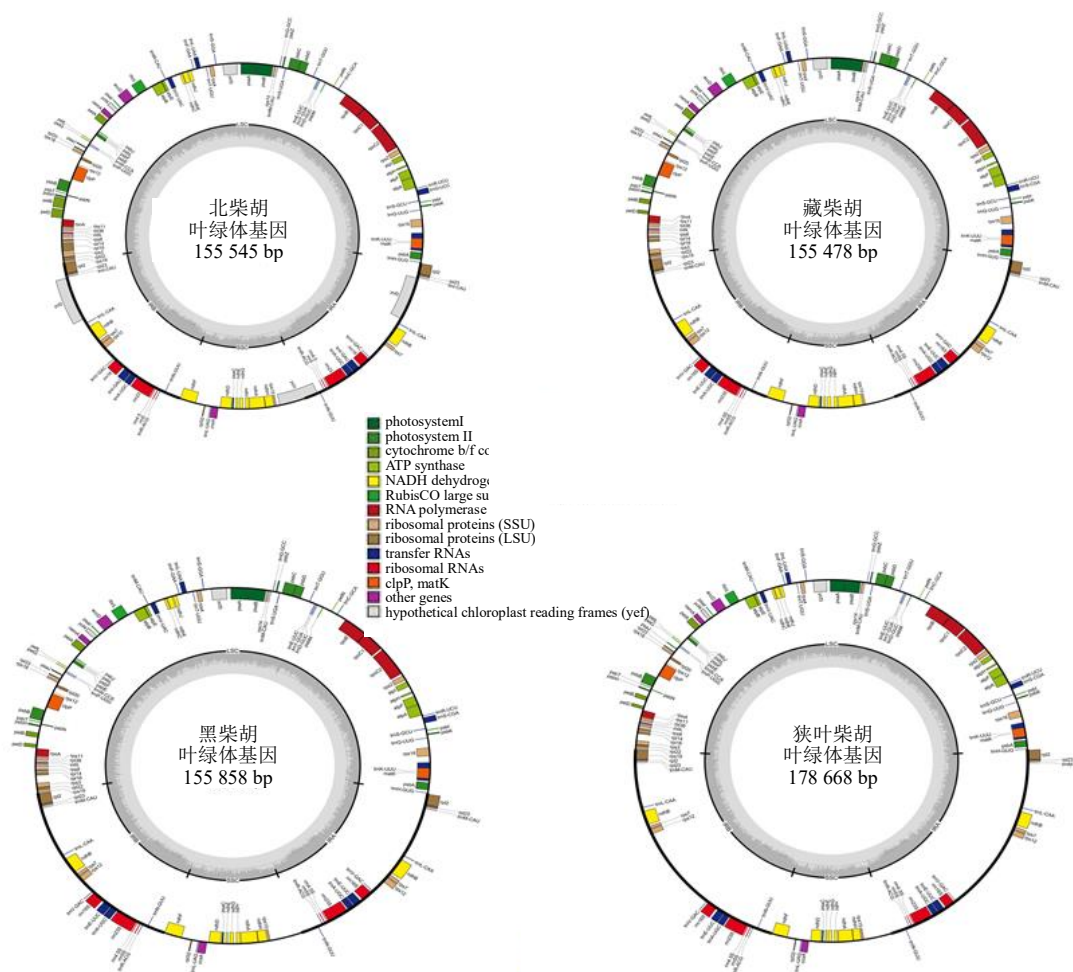
2.7 遗传距离分析以及系统发育树构建

将测序结果使用 MEGA12.1^[30] (molecular evolutionary genetics analysis) 计算序列的种内及种间 (kimura 2-parameter, K2P) 遗传距离,通过邻接法 (neighbour-joining, NJ) 构建系统发育树。

3 结果与分析

3.1 叶绿体基因组的基本特征

北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡叶绿体基因组的大小为 155 478~178 668 bp。其中最长的狭叶柴胡,最短的是藏柴胡。4 个物种的叶绿体基因组具有常见的环状四分体结构(图 1),包含 1 对反向重复区域 (IRa 和 IRb, 26 272~37 712 bp), 1 个大单拷贝区域 (LSC, 70 117~92 945 bp) 和 1 个小单拷贝区域 (SSC, 17 503~17 603 bp)。叶绿体



彩色注释为不同功能基因,内侧灰色区为 GC 含量,外侧基因转录方向逆时针,内侧基因转录方向顺时针。

The different colors on the circle represented different functional genes. Represented with arrows, gray area in the inner circle indicates the GC content, the transcription direction of the lateral genes is counterclockwise, while that of the medial genes is clockwise.

图 1 柴胡属叶绿体基因组图谱

Fig. 1 Chloroplast genome map of *Bupleurum*

基因组总 GC 含量为 37.65%~37.88%，且 GC 含量在不同区域分布不均衡，IR 区 GC 含量最高（41.72%~42.85%），LSC 区 GC 含量次之（35.81%~40.06%），SSC 区 GC 含量最低（31.24%~31.62%）。叶绿体基因组结构具体信息见表 2。

3.2 密码子偏好性分析

利用 RSCU 值计算柴北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡的叶绿体基因组蛋白编码基因密码子使用情况。结果显示共有 64 种密码子，RSCU>1 的密码子有 33 个，RSCU=1 的密码子有 2 个，RSCU<1 的密码子有 29 个。密码子数量最多为编码亮氨酸（L）

的密码子。RSCU>1 的密码子中，A/U 结尾的密码子有 26 个，而 RSCU≤1 的密码子多为 C/G 结尾，其结果表明了 4 种柴胡属物种叶绿体基因组中以 A/U 结尾的密码子偏好性大于以 C/G 结尾的密码子。编码蛋氨酸（M）的密码子 AUG 和色氨酸（W）的密码子 UGG 的 RSCU=1，显示其无偏好性。

3.3 叶绿体基因组序列比较

使用 mVISTA 在线软件中的 LAGAN 模式，比较北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡的叶绿体基因组序列差异（图 2）。结果显示，4 种柴胡属物种的非编码蛋白区变异程度高于编码蛋白区。

表 2 4 种柴胡属植物叶绿体基因组结构

Table 2 Chloroplast genome structure in four *Bupleurum* plants

植物	LSC/bp	LSC 区 (G+C) /%	SSC/bp	SSC 区 (G+C) /%	IR/bp	IR 区 (G+C) /%
北柴胡	70 117	35.81	17 503	31.41	26 305	42.73
狭叶柴胡	92 945	39.82	17 517	31.43	37 712	41.72
黑柴胡	70 233	39.93	17 595	31.24	26 317	42.85
藏柴胡	70 151	40.06	17 603	31.62	26 272	42.82

BCH MN337347:1-155544

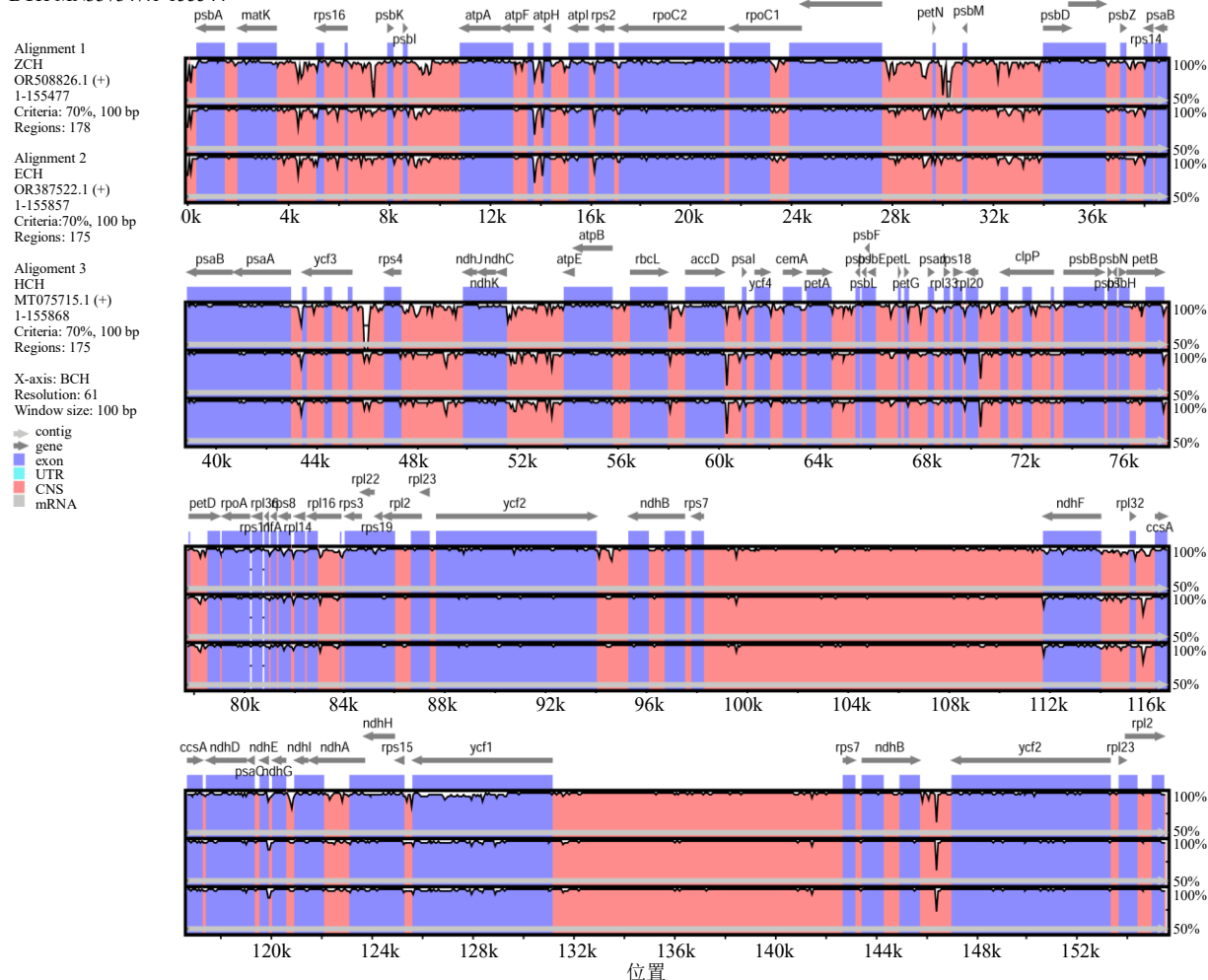


图 2 柴胡属植物叶绿体全基因组比对分析

Fig. 2 Alignment analysis of whole chloroplast genome for *Bupleurum* species

3.4 P_i 分析

使用 DNAsp 软件检测柴胡属 4 个物种叶绿体全基因组的 P_i 。结果显示核苷酸多态性范围为 0~0.050 6, 平均值为 0.008 8, 共检测到 6 个 $P_i>0.03$ 的核苷酸多态性热点区域, rps16-psbK、matK-rps16、petN-psbM、ndhC-atpE、rpl32-ccsA 和 rps15-

ycf 基因间隔区具有较高的变异, 如图 3 所示。结合特异性引物设计原则, 筛选可作为条形码候选片段的高变热点区域时, 应保证序列长度不小于 100 bp。基于完整基因组序列的比对, 因此本实验采用高变异区域 rps16-psbK 和 petN-psbM 作为 4 个柴胡属物种鉴定的候选标记。

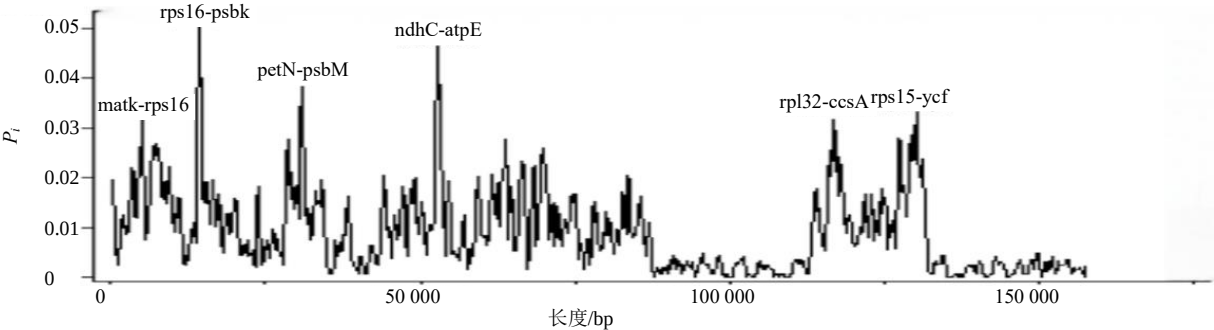


图 3 基于 4 种柴胡属植物叶绿体基因组的滑动窗口分析

Fig. 3 Sliding window analysis of chloroplast genome of four *Bupleurum* species

3.5 基于叶绿体基因组的 4 个柴胡属物种 DNA 分子标记及鉴定

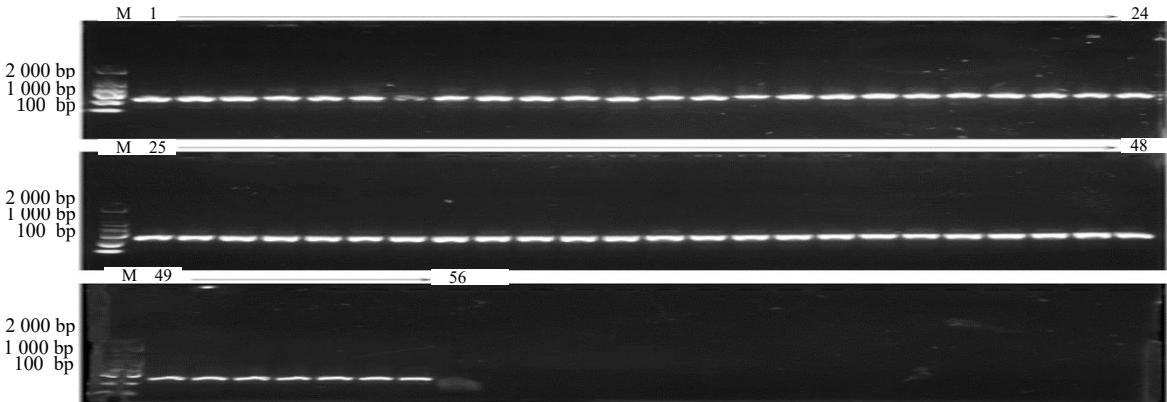
使用软件 Primer Premier 6.0 对高变异区 rps16-psbK 和 petN-psbM 为模板进行特异性引物的设计, 引物具体信息、PCR 反应程序及体系见表 3。琼脂糖凝胶电泳结

果表明, rps16-psbK 与 petN-psbM 这 2 对引物具有较好的扩增性, 能对 55 份样本全部进行有效扩增, 条带单一明亮, 负对照无条带。petN-psbM 引物扩增长度为 452 bp (图 4), rps16-psbK 引物扩增长度为 264 bp (图 5), 这 2 对引物可以作为后续实验的特异性引物。

表 3 鉴别柴胡属的特异性引物对

Table 3 Specific primer pairs for identifying *Bupleurum*

引物名称	正向/反向	碱基序列	反应体系	反应程序
rps16-psbK	1R	TTCTCCGCTTAATGGATAACC	2 × Taq PlusPCRMasterMix12.5 μL; R (2.5 mmol·L ⁻¹) 1 μL; F (2.5 mmol·L ⁻¹) 1 μL; DNA 1 μL; ddH ₂ O 9.5 μL	94 °C, 5 min; 94 °C, 30 s; 56 °C, 30 s; 72 °C, 45 s; 40 个循环; 72 °C, 10 min
rps16-psbK	1F	GTATGTGCGACTCGTTCAGAT		
petN-psbM	1R	TGGATCACAAAGACTCAGATTGC		
petN-psbM	1F	AGCGGACTAGAATCGACAGTAT		



M-Marker; 1~24-BCH1~BCH15, ZCH1~ZCH9; 25~48-ZCH10~ZCH15, HCH1~HCH15, ECH1~ECH3; 49~55-ECH4~ECH10; 56-阴性对照, 下图同。
M-Marker; 1~24-BCH1~BCH15, ZCH1~ZCH9; 25~48-ZCH10~ZCH15, HCH1~HCH15, ECH1~ECH3; 49~55-ECH4~ECH10; 56-negative control, same as below.

图 4 petN-psbM 特异性引物的琼脂糖凝胶电泳结果

Fig. 4 Agarose gel electrophoresis results of petN-psbM specific primers

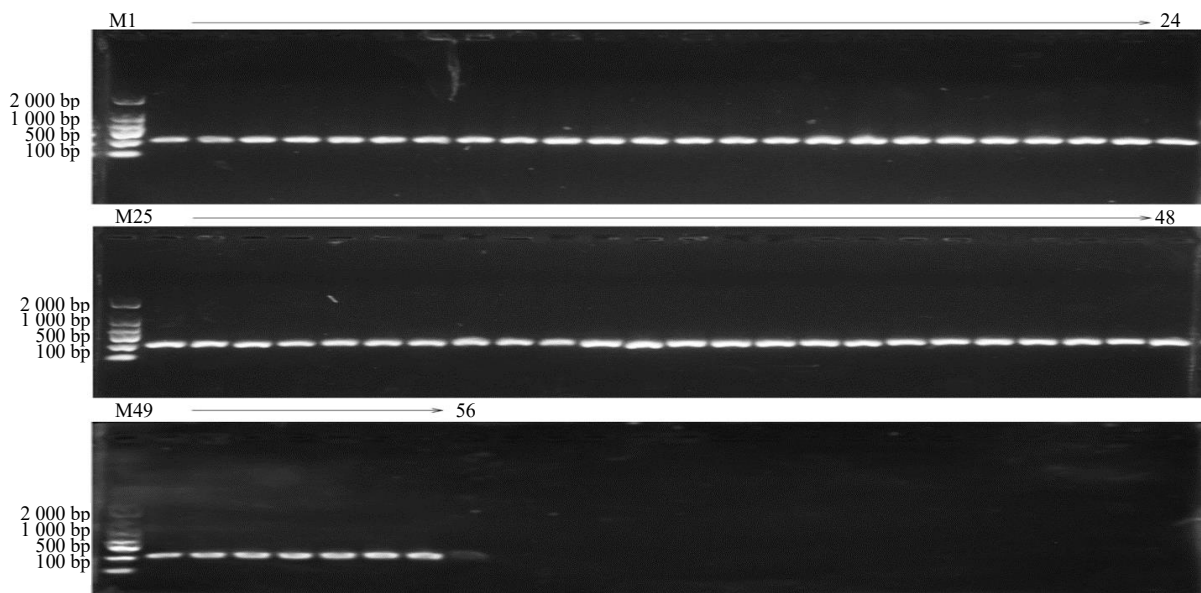


图 5 rps16-psbK 特异性引物的琼脂糖凝胶电泳结果

Fig. 5 Agarose gel electrophoresis results of rps16-psbK specific primers

分别对扩增片段进行测序分析，利用 MEGA12.1 计算测序序列的种内及种间 K2P 遗传距离（表 4），结果显示种内最大遗传距离小于种间最小遗传距离，无重叠，证明 2 个特异性片段均可作为特异 DNA 条形码使用。

表 4 4 种柴胡属植物种间/种内的 K 遗传距离

Table 4 Intra/inter-specific K genetic distance of four *Bupleurum* species

样品	遗传距离	
	rps16-psbK	petN-psbM
北柴胡 vs 黑柴胡	0.015 8~0.019 1	0.002 9~0.020 1
北柴胡 vs 狭叶柴胡	0.003 9~0.005 5	0.010 3~0.010 9
北柴胡 vs 藏柴胡	0.008 9~0.016 2	0.007 8~0.027 6
黑柴胡 vs 狭叶柴胡	0.015 2~0.018 7	0.012 3~0.016 9
黑柴胡 vs 藏柴胡	0.087 6~0.017 6	0.016 5~0.021 4
狭叶柴胡 vs 藏柴胡	0.009 1~0.009 0	0.010 3~0.010 5
北柴胡 vs 北柴胡	0.000 0	0.000 0
狭叶柴胡 vs 狭叶柴胡	0.000 0~0.004 1	0.000 0~0.004 0
藏柴胡 vs 藏柴胡	0.000 0	0.000 0
黑柴胡 vs 黑柴胡	0.000 0~0.007 1	0.000 0~0.000 0

对特异性片段测序序列进行 NJ 系统进化树分析，各物种均能以大于 50% 的自展支持率各自聚为 1 支，表现出了良好的单系性。结果显示北柴胡聚为一支，黑柴胡单独聚为一支，狭叶柴胡单独聚为一支，藏柴胡单独聚为一支（图 6）。因此高变异区 rps16-psbK 和 petN-psbM 均可以作为特异 DNA 条形码用于 4 个柴胡属物种北柴胡、狭叶柴胡、黑柴

胡和藏柴胡的鉴定。

4 讨论

目前药材市场上常见的柴胡品种有北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡，其中黑柴胡与藏柴胡虽未被药典收载，但在部分地区常被用于替代柴胡入药^[1]。长期以来，药用柴胡基原物种的分类鉴定主要依赖性状和显微特征^[31]，然而由于不同物种间性状相似，精准鉴别存在较大难度。分子生物学技术的快速发展为柴胡的鉴定提供了新的手段^[32]。多项研究证实，ITS2 序列在柴胡属物种鉴定成功率为 73.68%，matK 的鉴定成功率为 46.15%^[33-34]。课题组前期扩增并比对 4 种常见药用柴胡（北柴胡、狭叶柴胡、黑柴胡和藏柴胡）的 ITS2 序列，发现 ITS2 在北柴胡和狭叶柴胡物种间高度保守，未发现稳定的特异性单核苷酸多态性（SNP）位点。基于 ITS2 序列建立了一种区分 3 种常见药用柴胡（北柴胡、黑柴胡和藏柴胡）的特异性 PCR 鉴别方法^[35]。研究表明，相比传统的 DNA 条形码，以叶绿体基因组开发的超级条形码具有更高的鉴定效率和准确性^[13]。因此，基于叶绿体基因组开发药用柴胡物种特异 DNA 条形码具有重要意义。已有研究采用比较基因组学方法对近缘种物种叶绿体基因组展开分析，结果显示叶绿体基因组中的部分高变异区序列可作为物种鉴定与系统发育关系分析的特异 DNA 条形码，如李冉郡等^[23]利用 rps16-trnQ、matK-rps16、psaA-ycf3、psbE-petL、ndhF-rpl32 和 trnT-trnL 高变区作

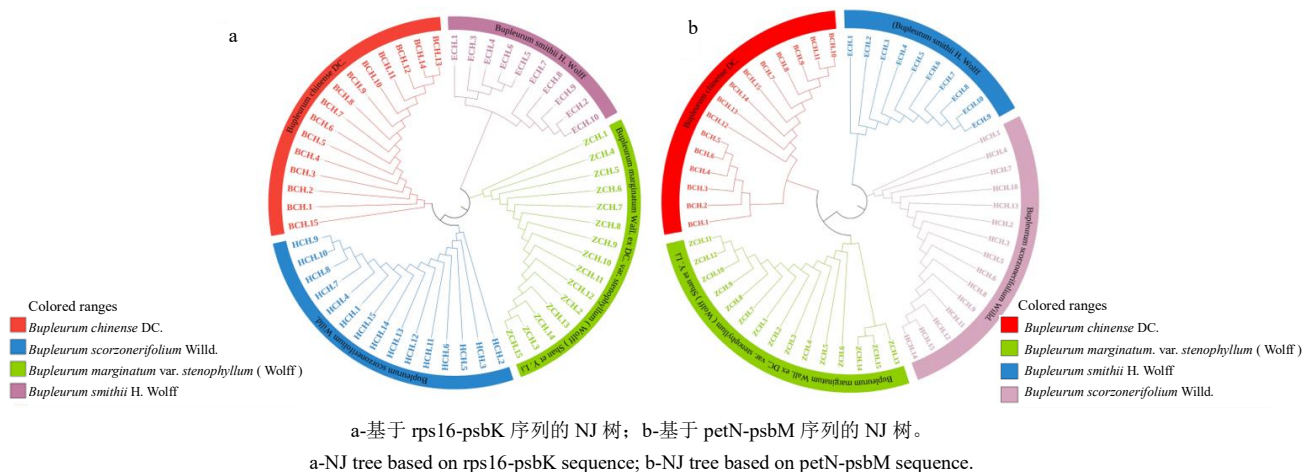


图 6 基于 2 个特异性引物构建的柴胡属物种 NJ 树

Fig. 6 NJ phylogenetic tree of *Bupleurum* species constructed based on two specific primers

为特异 DNA 条形码准确鉴定唐古特大黄、药用大黄和掌叶大黄。本研究在上述 4 种柴胡的叶绿体高变基因间区中, 筛选出 6 个核苷酸多态性热点区域, 分别为 rps16-psbK、matK-rps16、petN-psbM、ndhC-atpE、rpl32-ccsA 和 rps15-ycf, 这些基因间隔区域可作为潜在的分子标记开发靶点。通过序列特征分析发现, 这 6 个区域含有多个串联重复序列, 这些串联重复序列与高变热点区域的形成密切相关。

王馨等^[26]已开展北柴胡特异 DNA 条形码筛选及种质资源鉴定。选取不同产地的 3 个北柴胡样品进行叶绿体测序, 进行比较基因组学研究, 筛选特异性 DNA 条形码, 并利用筛选的特异 DNA 条形码 4 省 7 产地 177 份北柴胡样品进行种质资源鉴定。但未有关于柴胡药材基原植物或药用柴胡不同物种的特异 DNA 条形码研究的报道。本研究通过对 4 种药用柴胡基原物种的叶绿体全基因组序列进行系统比较, 筛选出 2 个高变区段 rps16-psbK 与 petN-psbM, 并据此设计 2 对特异性引物, 其扩增产物长度介于 264~452 bp, 旨在挖掘适用于柴胡物种鉴别的分子标记。这 2 个片段的扩增成功率与测序成功率均为 100%。基于上述位点构建的 NJ 进化树显示, 4 种药用柴胡各自聚为一支, 表明所筛选的特异性 DNA 条形码可有效区分柴胡不同物种。2 个特异性 DNA 条形码 (rps16-psbK 与 petN-psbM) 的鉴定成功率均为 100%。由于 rps16-psbK 片段长度 264 bp, 与 petN-psbM 的片段相比明显较短, 因此从容易从发生降解 DNA 的样本中获得。

综上所述, 本实验建立的 2 组特异 DNA 条形码进一步拓展了 4 种药用柴胡基原物种的遗传变异

信息库, 从而有助于提升柴胡临床用药的安全性, 并为规范柴胡药材市场秩序提供技术支撑。后续研究中, 本课题组将进一步开展市售饮片及中成药的适用性测试, 以更全面地验证所建方法在实际流通环节中的鉴定效果。未来, 柴胡属物种间的分类界定研究需进一步拓展样本采集范围, 纳入更具代表性的物种, 并从叶绿体基因组中获取更广泛的序列信息, 以发掘覆盖度更高、分辨率更强的分子标记, 从而更准确地鉴别药用柴胡的基原物种, 为建立稳定可靠的柴胡物种鉴定技术体系提供科学依据。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 马毅, 刘康康, 蒲训, 等. 甘肃中部地区柴胡属植物资源调查 [J]. 中国现代中药, 2022, 24(11): 2119-2125.
- [2] 中国药典 [S]. 一部. 2025: 293.
- [3] 杨晰雯, 胡文凯, 蒋鑫, 等. 柴胡化学成分及药理作用研究进展 [J]. 药学前沿, 2024, 28(11): 507-522.
- [4] Ran S Z, Peng R, Guo Q W, *et al.* *Bupleurum* in treatment of depression disorder: A comprehensive review [J]. *Pharmaceuticals*, 2024, 17(4): 512.
- [5] Teng L L, Guo X W, Ma Y Z, *et al.* A comprehensive review on traditional and modern research of the genus *Bupleurum* (*Bupleurum* L., Apiaceae) in recent 10 years [J]. *J Ethnopharmacol*, 2023, 306: 116129.
- [6] Tian Y, Guo J G, Jiang X Y, *et al.* Exploring the therapeutic potential of *Bupleurum* in medical treatment: A comprehensive overview [J]. *Pharmaceuticals*, 2025, 18(9): 1331.
- [7] 马黎娟, 冯玛莉, 仝立国, 等. 藏柴胡药材化学成分及其药理作用研究综述 [J]. 中国医药科学, 2023, 13(10): 54-57.

- [8] 王惠, 冯玛莉, 张越, 等. 藏柴胡与北柴胡急性毒性、解热、抗炎作用的对比研究 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2020, 22(5): 1517-1523.
- [9] 张韵洁, 李德铎. 叶绿体系统发育基因组学的研究进展 [J]. 植物分类与资源学报, 2011, 33(4): 365-375.
- [10] Hu J P, Yao J C, Lu J M, *et al.* The complete chloroplast genome sequences of nine melon varieties (*Cucumis melo* L.): Lights into comparative analysis and phylogenetic relationships [J]. *Front Genet*, 2024, 15: 1417266.
- [11] Lee S R, Oh A, Son D C. Characterization, comparison, and phylogenetic analyses of chloroplast genomes of *Euphorbia* species [J]. *Sci Rep*, 2024, 14(1): 15352.
- [12] Miao X R, Yang W W, Li D H, *et al.* Assembly and comparative analysis of the complete mitochondrial and chloroplast genome of *Cyperus stoloniferus* (Cyperaceae), a coastal plant possessing saline-alkali tolerance [J]. *BMC Plant Biol*, 2024, 24(1): 628.
- [13] 范丙友, 陈盈, 郝明扬, 等. 芍药属 4 种药用植物叶绿体基因组比较及系统发育分析 [J]. 中草药, 2025, 56(13): 4765-4778.
- [14] 江雨欣, 王锐莹, 张旭, 等. 八角茴香及其混伪品的 DNA 分子标记鉴别 [J]. 食品科技, 2022, 47(8): 307-311.
- [15] 江转转, 陈红, 鲍红艳, 等. 狼尾草属叶绿体基因组特征与分子标记开发 [J]. 浙江农林大学学报, 2025, 42(2): 365-372.
- [16] 李志芳, 陈丽玲, 罗淑洁, 等. 西南牡蒿叶绿体基因组特征及系统发育分析 [J]. 广西植物, 2024, 44(9): 1732-1745.
- [17] 孟文娜, 浦香东, 蒲婧哲, 等. 败酱草及其近缘种叶绿体全基因组分析和 DNA 条形码构建 [J]. 中国现代中药, 2024, 26(10): 1645-1653.
- [18] 石旻, 胡力, 赵玉洋, 等. 地骨皮的多重位点特异性 PCR 鉴别 [J]. 中国实验方剂学杂志, 2024, 30(4): 35-41.
- [19] 张志飞, 赵中振, 王馨, 等. 刺五加特异性 DNA 条形码筛选、种质资源鉴定及遗传多样性分析 [J]. 中国中药杂志, 2023, 48(5): 1229-1237.
- [20] 陆亚茹, 彭晓祺, 吴文如, 等. 基于叶绿体基因组 SNP 鉴定不同化学型的广藿香 [J]. 中药材, 2024, 47(9): 2192-2197.
- [21] 田童心, 卢梦月, 王冬梅, 等. 贝母属植物叶绿体基因组研究进展 [J]. 农业与技术, 2024, 44(24): 10-14.
- [22] 王多梅, 蒲婧哲, 胡冲, 等. 利用 DNA 特征序列标记对伊犁贝母的快速鉴定 [J]. 中草药, 2025, 56(15): 5563-5570.
- [23] 李冉郡, 武立伟, 辛天怡, 等. 大黄药材基原物种叶绿体基因组分析与特异 DNA 条形码开发 [J]. 药学学报, 2022, 57(5): 1495-1505.
- [24] 赵俊禧, 姜霞, 石盼盼, 等. 基于叶绿体基因组序列筛选酸枣仁特异性引物的研究 [J]. 中药材, 2025, 48(5): 1119-1122.
- [25] 董博然, 赵志礼, 倪梁红, 等. 基于叶绿体基因组的长梗秦艽、全萼秦艽物种 DNA 分子标记与鉴定 [J]. 药学学报, 2021, 56(9): 2584-2591.
- [26] 王馨, 尹光耀, 张志飞, 等. 北柴胡特异 DNA 条形码筛选及种质资源鉴定 [J]. 中草药, 2023, 54(17): 5703-5715.
- [27] Shi L C, Chen H M, Jiang M, *et al.* CPGAVAS2, an integrated plastome sequence annotator and analyzer [J]. *Nucleic Acids Res*, 2019, 47(W1): W65-W73.
- [28] Frazer K A, Pachter L, Poliakov A, *et al.* VISTA: Computational tools for comparative genomics [J]. *Nucleic Acids Res*, 2004, 32(Web Server issue): W273-W279.
- [29] Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio J C, *et al.* DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets [J]. *Mol Biol Evol*, 2017, 34(12): 3299-3302.
- [30] Kumar S, Stecher G, Suleski M, *et al.* MEGA12: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing [J]. *Mol Biol Evol*, 2024, 41(12): msae263.
- [31] 张宏伟, 郑双佳, 晁志. 三种西北产柴胡的性状和显微鉴别 [J]. 中药材, 2021, 44(9): 2074-2078.
- [32] 周珊, 张蕊菊, 何春雨, 等. 柴胡分子鉴定及皂苷合成与调节研究进展 [J]. 中药材, 2026, (4): 1082-1086.
- [33] 晁志. 柴胡属药用植物 DNA 条形码研究 [A] // 第十一届全国青年药学工作者最新科研成果交流会论文集 [C]. 杭州: 中国药学会, 2012: 8.
- [34] 曾伟萍. 柴胡属药用植物的条形码研究 [D]. 广州: 南方医科大学, 2016.
- [35] 张瑜, 王宁, 董妙雅, 等. 基于 ITS2 序列 SNP 位点的北柴胡及其近缘种种子鉴别 [J]. 种子, 2026, 45(4): 176-181.

[责任编辑 时圣明]