

COMPLETE CHLOROPLAST GENOME OF *PSAMMOCHLOA VILLOSA* (POACEAE), A PIONEER GRASS ENDEMIC TO SAND DUNES IN NORTHWEST CHINA

Y. LIU^{1,2}, T. LV^{1,2}, X. SU^{1,2*}, Zh. REN^{3*}

¹ Key Laboratory of Medicinal Plant and Animal Resources in the Qinghai-Tibet Plateau, School of Life Science, Qinghai Normal University, Xining 810008, China

² Key Laboratory of Education Ministry of Environments and Resources in the Qinghai-Tibet Plateau, School of Life Science, Qinghai Normal University, Xining 810008, China

³ School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China

* E-mail: xusu8527972@126.com; zmren@sxu.edu.cn

Psammochloa villosa is a sandy perennial grass (Poaceae) endemic to the northwest China, which has extremely important ecological and genetic values. To explore characterization and phylogenetic analysis of the complete chloroplast (cp) genome of *Psammochloa villosa*, we firstly sequenced and compared it with other cp genomes within Poaceae in this study. The result showed that the cp genome of *P. villosa* was 135,541 bp in size with a high A + T content of 61.2 %, and had a typical quadripartite structure with the large (LSC, 80,272 bp) and small (SSC, 12,453 bp) single copy regions separated by two copies of inverted repeats (IRs, 21,408 bp each). We successfully annotated 134 genes, including 79 protein-coding genes, 42 tRNAs genes and ten rRNAs genes. Among these genes, 42 genes locate in IR regions. Additionally, we constructed a phylogenetic tree based on 40 cp genome sequences, which indicated that *P. villosa* has a closer relationship with the other species in subfamily Pooideae.

Key words: Complete chloroplast genome; *Psammochloa villosa*; Poaceae; Phylogenetic analysis; Northwest China.

ПОВНИЙ ГЕНОМ ХЛОРОПЛАСТУ *PSAMMOCHLOA VILLOSA* (РОАСЕАЕ), ІСТОРИЧНО ПЕРШОЇ ТРАВИ, ЯКА РОСТЕ ЛИШЕ У ПІЩАНИХ ДЮНАХ ПІВНІЧНО-ЗАХІДНОГО КИТАЮ

Psammochloa villosa – це багаторічна трава (Роасеае), яка росте у пісках північно-західного Китаю та має надзвичайно велику екологічну та генетичну цінність. Для вивчення, характеристизації і філогенетичного аналізу повного хлоропластного (ср) геному *Psammochloa villosa* ми спочатку секвенували і порівняли його з іншими хлоропластними геномами в межах Роасеае у цьому дослідженні. Результати

продемонстрували, що розміри хлоропластного геному *P. villosa* були 135 541 п.н., і він мав високий вміст А + Т – 61,2 %, та типову чотиристоронню структуру з довгими (LSC, 80 272 п.н.) і короткими (SSC, 12 453 п.н.) унікальними ділянками, розділеними двома копіями інвертованих повторів (IR, по 21 408 п.н. кожна). Ми зробили успішну анотацію 134 генів, включаючи 79 білок-кодуючих генів, 42 генів тРНК і 10 генів рРНК. 42 з цих генів знаходяться в ділянках інвертованих повторів. Крім того, ми створили філогенетичне дерево на основі 40 послідовностей хлоропластного геному, яке вказує на тісніший зв'язок *P. villosa* з іншими видами рослин у підродині Pooideae.

Ключові слова: повний хлоропластний геном; *Psammochloa villosa*; Роасеае; філогенетичний аналіз; північно-західний Китай.

REFERENCES

- Gray, J.C., Genetic manipulation of the chloroplast genome, *Biotechnol.*, 1989, vol. 12, no. 14, pp. 317–35.
- Howe, C.J., Barbrook, A.C., Koumandou, V.L., Nisbet, R.E., and Symington, H.A., Evolution of the chloroplast genome, *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 2003, vol. 358, no. 1429, pp. 99–107.
- Jansen, R.K., Cai, Z.Q., Raubeson, L.A., Daniell, H., Depamphilis, C.W., Leebens-Mack, J., Müller, K.F., Guisinger-Bellian, M., Haberle, R.C., Hansen, A.K., Chumley, T.W., Lee, S.B., Peery, R., McNeal, J.R., Kuehl, J.V., and Boore, J.L., Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2007, vol. 104, no. 49, pp. 19369–74.
- Odintsova, M.S., Yurina, N.P., Chloroplast genomics of land plants and algae. Biotechnological Applications of Photosynthetic Protein: Biochips, Biosensors and Biodevices, US: *Springer*, 2006, pp. 57–72.
- Yin, Z.B., Genus *Psammochloa*. In: Ma, Y.Q. (eds). Flora of Inner Mongolia, Hohhot: *Inner Mongolia People Press*, 1994, vol. 15, pp. 115–52.
- Liu, Y.X., Flora in Deserti Reipublicae Populorum Sinarum, Beijing: *Sci. Press.* 1985, vol. 1, pp. 357.
- Wu, Z.Y., Wang, S., and Tong, F.Q., The extinct danger of the *Procapra przewalskii*, *Endanger. Spec. Scient. Newslet.*, 2003, vol. 2, pp. 10.
- Dong, M., A La, T.B., Xing, X.R., and Wang, Q.B., Genet features and ramet population features in the rhizomatous grass species *Psammochloa villosa*, *Chin. J. Plant Ecol.*, 1999, vol. 23, no. 4, pp. 302–10.
- Dong, M., Effects of severing rhizome on clonal growth in rhizomatous grass species *Psammochloa villosa* and *Leymus secalinus*, *Acta Bot. Sinica.* 1999, vol. 41, no. 2, pp. 194–8.

© Y. LIU, T. LV, X. SU, Zh. REN, 2020

10. Huang, Z.Y., Adaptation strategies of seed dormancy and germination of *Psammochloa villosa*, a sand dune grass inhabiting Ordos Plateau, China. *Acta Bot. Boreal-Occident Sin.* 2003, vol. 23, no. 7, pp. 1128–33.
11. Wang, K.Q., Ge, S., and Dong, M., Allozyme variance and clonal diversity in the rhizomatous grass *Psammochloa villosa* (Gramineae). *Acta Bot. Sin.*, 1999, vol. 41, no. 5, pp. 537–40.
12. Li, A., Ge, S., Genetic variation and clonal diversity of *Psammochloa villosa* (Poaceae) detected by ISSR markers. *Ann. Bot.* 2001, vol. 87, no. 5, pp. 585–90.
13. Xu, Z.X., He, X.L., Guo, H.J., and Zhao, L.L., AM fungi colonization and soil factors of *Psammochloa villosa* (Trin.) Bor and *Hedysalum laeve* Min. in farming-pastoral area of Inner Mongolia. *J. Hebei Agric. Univ.* 2011, vol. 34, no. 1, pp. 56–61.
14. Doyle, J.J., Doyle, J.L., Isolation of plant DNA from fresh tissue, *Focus*, 1990, vol. 12, no. 1, pp. 13–5.
15. Bolger, A.M., Lohse, M., and Usadel, B., Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data, *Bioinform.*, 2014, vol. 30, no. 15, pp. 2114–20.
16. Zerbino, D.R., Birney, E., Velvet: algorithms for *de novo* short read assembly using de Bruijn graphs, *Genome Res.*, 2008, vol. 18, no. 5, pp. 821–9.
17. Lohse, M., Drechsel, O., Kahlau, S., and Bock, R., Organellar Genome DRAW—a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets, *Nucl. Acid. Res.* 2013, vol. 41, pp. W575–W581.
18. Katoh, K., Standley, D.M., MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol. Biol. Evol.* 2013, vol. 30, no. 4, pp. 772–80.
19. Swofford, D.L., PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods), version 4. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 2002.
20. Stamatakis, A., RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinform.* 2014, vol. 30, no. 9, pp. 1312–3.

Received November 26, 2019

Received January 19, 2020

Accepted November 18, 2020