

CHARACTERIZATION OF THE COMPLETE CHLOROPLAST GENOME OF *MECONOPSIS PUNICEA* (PAPAVERACEAE), AN ENDEMIC SPECIES FROM THE QINGHAI-TIBET PLATEAU IN CHINA

R. LIANG^{1,2}, M.A. CARABALLO-ORTIZ³, Y. LIU^{1,2}, X. SU^{1,2,4*}

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

² Key Laboratory of Physical Geography and Environmental Process in Qinghai Province, Qinghai Normal University, Xining 810008, China

³ Department of Botany, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC 20013-7012, U.S.A

⁴ Key Laboratory of Education Ministry of Environments and Resources in the Qinghai-Tibetan Plateau, Qinghai Normal University, Xining 810008, China
E-mail: xusu8527972@126.com

Meconopsis punicea Maxim. (Papaveraceae) is an alpine perennial herb endemic to the Qinghai-Tibet Plateau in southwestern China. In this study, we sequenced and analyzed its whole chloroplast genome using an Illumina HiSeq platform. This represents the second complete chloroplast genome for a species of *Meconopsis* after the recent publication of a first one (*M. racemosa*) in 2018. Our result shows that the chloroplast genome of *M. punicea* is 153,260 bp in length with a relatively high A + T content (61.5 %), and had a standard quadripartite structure with the large (LSC, 84,122 bp) and small (SSC, 17,730 bp) single copy regions separated by two copies of an inverted repeat (IRs, 25,704 bp each). The chloroplast genome encoded a total of 110 genes, including 78 protein-coding genes, 29 tRNAs genes and three rRNAs genes. The majority (94) of genes occur within the single copy regions. When comparing these results to the previously published chloroplast genome of *M. racemosa*, both species share similar gene type, number and G + C content. In addition, the maximum likelihood phylogenetic analysis based on 33 chloroplast genomes suggested that *M. punicea* is basal in the *Meconopsis* clade within Papaveraceae.

Key words: Papaveraceae; *Meconopsis punicea*; Chloroplast genome; Illumina sequencing; Phylogenetic analysis; Qinghai-Tibet Plateau.

ХАРАКТЕРИСТИКА ПОВНОГО ГЕНОМУ ХЛОРОПЛАСТУ *MECONOPSIS PUNICEA* (PAPAVERACEAE), ЕНДЕМІЧНОГО ВИДУ З ЦИНХАЙ-ТІБЕТСЬКОГО НАГІР'Я КИТАЮ

© R. LIANG, M.A. CARABALLO-ORTIZ, Y. LIU, X. SU
2021

Meconopsis punicea Maxim. (Papaveraceae) – це альпійська багаторічна рослина, ендемічна для Цинхай-Тібетського нагір'я у південно-західному Китаї. У цьому дослідженні нами було виділено послідовність і проаналізовано повний геном хлоропласту цієї рослини за допомогою Illumina HiSeq platform. Таким чином, було представлено другий повний геном хлоропласту для виду *Meconopsis* після нещодавньої публікації першого (*M. racemosa*) у 2018 р. Наші результати демонструють, що довжина геному хлоропласту *M. punicea* складає 153 260 п.н.; він має досить високий вміст А + Т (61,5 %) та стандартну чотиристоронню структуру з великою (LSC, 84 122 п.н.) і малою (SSC, 17 730 п.н.) однокопійною областями, розділеними двома копіями інвертованого повтору (IRs, по 25 704 п.н.). Загалом геном хлоропласту кодує 110 генів, включаючи 78 білок-кодуєчих генів, 29 тРНК генів і три рРНК гени. Більшість (94) генів зустрічаються в межах однокопійних областей. Порівняння цих результатів з попередньо опублікованими даними щодо геному хлоропласту *M. racemosa* показало, що обидва види мають однаковий тип та кількість генів і вміст G + C. Крім того, філогенетичний аналіз максимальної вірогідності на основі 33 геномів хлоропластів дає підстави для припущення, що *M. punicea* є базальним у кладі *Meconopsis* сімейства Papaveraceae.

Ключові слова: Papaveraceae; *Meconopsis punicea*; геном хлоропласту; секвенування Illumina; філогенетичний аналіз; Цинхай-Тібетське нагір'я.

REFERENCES

- Bendich AJ (2004) Circular chloroplast chromosomes: the grand illusion. *Plant Cell* **16**(7):1661–1666
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B (2014) Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* **30**(15):2114–2120
- Dierckxsens N, Mardulyn P, Smits G (2017) Novoplasty: de novo assembly of organelle genomes from whole genome data. *Nucleic Acids Res* **45**(4):e18
- Doyle JJ, Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* **12**(1):13–15
- Greiner S, Lehwark P, Bock R (2019) Organellar-GenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes. *bioRxiv* 545509
- Jung J, Kim JI, Jeong YS et al (2018) AGORA: organellar genome annotation from the amino acid and nucleotide references. *Bioinformatics* **34**(15):2661–2663
- Katoh K, Standley DM (2013) MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol Biol Evol* **30**(4):772–780

- Liu QR (2015) *Meconopsis punicea* Maxim. Bull Biol 50(12):16
- Liu YP, Lv T, Zhu D et al (2018) Sequencing and alignment analysis of the complete chloroplast genome of *Littledalea tibetica*, an endemic species from the Qinghai-Tibet Plateau. Bull Bot Res 38(5):518–525
- Liu YS, Gao LY, Wang H et al (2012) The current status of *Meconopsis punicea* Maxim. Modern Hortic 6:14
- Morris LM, Duvall MR (2010) The chloroplast genome of *Anomochloa marantoidea* (Anomochloideae; Poaceae) comprises a mixture of grass-like and unique features. Am J Bot 97(4):620–627
- Ren ZS (1993) The effects of climate on the growth of *Meconopsis* seedling in Kunming. Acta Botanica Yunnanica 15(1):110–112
- Stamatakis A (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics 30(9):1312–1313
- Tillich M, Lehwark P, Pellizzer T et al (2017) Genomes – versatile and accurate annotation of organelle genomes. Nucleic Acids Res 45(W1): W6–W11
- Wu FH, Kan DP, Lee SB et al (2009) Complete nucleotide sequence of *Dendrocalamus latiflorus* and *Bambusa oldhamii* chloroplast genomes. Tree Physiology 29(6):847–856
- Wu HF, Song ZJ, Zhu HJ et al (2011) Chemical constituents of *Meconopsis punicea*. Nat Prod Res Dev 23(2):202–207
- Wu ZY (1999) Flora of China, vol 32. Beijing, Science Press, pp. 34
- Zeng CX, Hollingsworth PM, Yang J et al (2018) Genome skimming herbarium specimens for DNA barcoding and phylogenomics. Plant Methods 14:43
- Zhao QS (1999) Treasured alpine flowers — *Meconopsis*. Chinese Flower Bonsai

Received July 27, 2019
Received January 20, 2020
Accepted March 18, 2021