

CHARACTERIZATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE COMPLETE CHLOROPLAST GENOME OF *XANTHOPAPPUS SUBACAULIS* (ASTERACEAE), AN ENDEMIC SPECIES FROM THE QINGHAI-TIBET PLATEAU IN CHINA

Z.-L. MA^{1,2}, Sh.-Sh. XU³, Y. ZHANG^{3,4}, M.A.
CARABALLO-ORTIZ⁵, X. SU^{1,2,6,*}, Zh.-M. REN^{7*}

¹ Key Laboratory of Medicinal Animal and Plant Resources
in the Qinghai-Tibetan Plateau, School of Life Sciences,
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 Natural History Research Center, Shanghai Natural History Museum,
Branch of Shanghai Science & Technology Museum,
Shanghai, 200041, China

⁴ Institute of Science and Technology, Shanghai,
200040, China

⁵ Department of Botany, National Museum of Natural History,
Smithsonian Institution, MRC 166, Washington, D.C. 200013-7012,
USA

⁶ Key Laboratory of Education Ministry of Earth Surface Processes
and Ecological Conservation of the Qinghai-Tibet Plateau,
Qinghai Normal University, Xining, 810008, China

⁷ School of Life Sciences, Shanxi University, Taiyuan, 030006, China
E-mail: xusu8527972@126.com*; zmren@sxu.edu.cn

Xanthopappus subacaulis (Asteraceae) is a medicinal plant endemic to the alpine meadows from the middle east region of the Qinghai-Tibet Plateau in China. In this study, we sequenced and analyzed its whole chloroplast (cp) genome using Next Generation Sequencing techniques, representing the first complete cp genome for the genus *Xanthopappus*. Our results show that the cp genome of *X. subacaulis* contains 153,297 base pairs (bp) with a relatively high A + T content (62.28 %) and has a standard quadripartite structure, where the large (LSC, 84,142 bp) and small (SSC, 18,769 bp) single copy regions are separated by two copies of inverted repeats (IRs, 25,193 bp each). The cp genome encoded a total of 131 genes of which 87 are protein-coding genes, 36 are tRNA genes and eight are rRNA genes. The majority (85) of these genes occur within the LSC region. When comparing these results with the previously published cp genome of a related

taxon from Asteraceae (genus *Arctium*), both species share similar number and type of genes, and A + T content. In addition, a Maximum Likelihood and Maximum Parsimony phylogenetic analyses based on 33 chloroplast genomes of Asteraceae suggested that *X. subacaulis* forms an independent and well supported clade paraphyletic to all the other members within tribes Carduinae, Carlininae and Centaureinae of Asteraceae.

Key words: plastome assembly, *Cirsium*, *Saussurea*, *Synurus*, subfamily Carduoideae, tribe Carduinae, tribe Centaureinae, tribe Cynareae, tribe Carlininae.

ОПИС ХАРАКТЕРИСТИК І ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ПОВНОГО ГЕНОМУ ХЛОРОПЛАСТА *XANTHOPAPPUS SUBACAULIS* (ASTERACEAE), ЕНДЕМІЧНОГО ВИДУ З ЦІНХАЙ-ТИБЕТСЬКОГО ПЛАТО В КИТАЇ

Xanthopappus subacaulis (Asteraceae) – це лікарська рослина, яка росте на високогірних луках середньо-азіатського регіону, на Цінхай-Тибетському плато в Китаї. У цьому дослідженні ми секвенували і проаналізували її повний геном хлоропласта (cp) за допомогою технологій секвенування нового покоління (Next Generation Sequencing), представивши перший повний геном хлоропласта для роду *Xanthopappus*. Наші результати показали, що геном хлоропласта *X. subacaulis* містить 153 297 пар основ (bp) з досить високим вмістом А + Т (62,28 %) і має стандартну чотирискладову структуру, в якій великі (LSC, 84 142 bp) і малі (SSC, 18 769 bp) однокопійні області розділені двома копіями інвертованих повторів (IR, по 25 193 bp кожен). Загалом геном хлоропласта кодував 131 ген, з яких 87 – це гени, що кодують білок, 36 – гени тРНК, і вісім – гени рРНК. Більшість (85) цих генів зустрічаються в межах області LSC. Згідно з порівнянням цих результатів з опублікованим раніше геномом хлоропласта спорідненого таксону з Asteraceae (рід *Arctium*), обидва види мали подібну кількість і тип генів, а також вміст А + Т. Крім того, філогенетичний аналіз з використанням методів максимальної правдоподібності та максимальної парсимонії на основі 33 геномів хлоропласта Asteraceae дали підстави для припущення, що *X. subacaulis* утворює незалежну та добре обґрунтовану кладу, парафілетичну щодо всіх інших членів в межах триб Carduinae, Carlininae і Centaureinae з Asteraceae.

Ключові слова: область формування пластоми, *Cirsium*, *Saussurea*, *Synurus*, підсімейство Carduoideae, триба Carduinae, триба Centaureinae, триба Cynareae, триба Carlininae.

© Z.-L. MA, Sh.-Sh. XU, Y. ZHANG, M.A. CARABALLO-ORTIZ, X. SU, Zh.-M. REN, 2022

REFERENCES

- Barres L, Sanmartin I, Anderson CL et al. (2013) Reconstructing the evolution and biogeographic history of tribe Cardueae (Compositae) *Am J Bot* 100(5):867–882
- Bohlmann F, Burkhardt T, Zdero C (1973) Naturally Occurring Acetylenes. Academic Press, London
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B. (2014) Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30(15): 2114–2120
- Chapman MA, Hiscock SJ, Filatov DA. (2016) The genomic bases of morphological divergence and reproductive isolation driven by ecological speciation in *Senecio* (Asteraceae) *J Evol Biol* 29(1):98–113
- 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
- Du P. (2006) Qinghai-Tibet Plateau Gannan Tibetan Flora, vol 12. Gansu Science and Technology Press, Lanzhou, pp 248–249
- Feng H, Xu H, Chen JY et al. (2020) Characterization of the complete chloroplast genome of *Chrysanthemum oreastrum* (Asteraceae) as a traditional medicinal plant to China Mitochondrial DNA Part B 5(2): 1172–1173
- Gray JC (1989) Genetic manipulation of the chloroplast genome *Biotechnology* 12:317–335
- Greiner S, Lehwark P, Bock R. (2019) Organel-GenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes *Nucleic Acids Res* 47(W1): W59–W64
- Häffner E, Hellwig FH. (1999) Phylogeny of the tribe Cardueae (Compositae) with emphasis on the subtribe Carduinae: an analysis based on ITS sequence data. *Willdenowia* 29(1/2):27–39
- Harborne JB. (1984) *Phytochemical Methods*, 2nd ed. Chapman and Hall, New York, p 171
- Howe CJ, Barbrook AC, Koumandou VL et al. (2003) Evolution of the chloroplast genome *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 358(1429):99–107
- Jansen RK, Cai ZQ, Raubeson LA et al. (2007) Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns *Proc Natl Acad Sci USA* 104(49): 19369–19374
- Jia DR, Abbot RJ, Liu TL et al. (2012) Out of the Qinghai-Tibet Plateau: evidence for the origin and dispersal of Eurasian temperate plants from a phylogeographic study of *Hippophae rhamnoides* (Elaeagnaceae) *New Phytol* 194(4):1123–1133
- 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
- Lin R, Shi Z. (1987) *Flora of China*, vol 78, no 1. Science Press, Beijing, p 61
- Liu SW (1996) *Flora of Qinghai*, vol 3, no 1. Qinghai People's Publishing House, Xining, p 437
- Mittermeier RA, Gil PR, Hoffman M et al (2005) Hotspots revisited: earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. University of Chicago Press, Chicago IL
- Odintsova MS, Yurina NP. (2006) Chloroplast genomics of land plants and algae // *Biotechnological Applications of Photosynthetic Protein: Biochips, Biosensors and Biodevices*. Springer, US, pp 57–72
- Rashid MA, Gustafson KR, Cardellina JH et al. (2001) Absolute stereochemistry and anti-HIV activity of minquartynoic acid, a polyacetylene from *Ochano-stachys amentacea* *Nat Prod Lett* 15(1):21–26
- Stamatakis A. (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies *Bioinformatics* 30(9):1312–1313
- Swofford DL. (2002) PAUP*: phylogenetic analysis using parsimony (and other methods), 4th edn. Sinauer Associates, Sunderland, MA
- Tian Y, Liu J, Zhe X. (2020) The complete chloroplast genome of *Cerasus humilis* (Bge.) Sok. Mitochondrial DNA Part B 5(2):1210–1212.
- Tian YQ, Wei XY, Xu HH. (2006) Photoactivated insecticidal thiophene derivatives from *Xanthopappus subacaulis*. *J Nat Prod* 69(8):1241–1244
- Tillich M, Lehwark P, Pellizzer T et al. (2017) GeSeq: versatile and accurate annotation of organelle genomes *Nucleic Acids Res* 45(W1):W6–W11
- Wang LY, Abbott RJ, Zheng W et al. (2009a) History and evolution of alpine plants endemic to the Qinghai-Tibetan Plateau: *Aconitum gymnanthum* (Ranunculaceae) *Mol Ecol* 18(4):709–721
- Wang YJ, Liu JQ, Miede G (2007) Phylogenetic origins of the Himalayan endemic *Dolomiaea*, *Diplazoptilon* and *Xanthopappus* (Asteraceae: Cardueae) based on three DNA regions. *Ann Bot* 99(2): 311–322

- Wang YJ, Susanna A, von Raab-Straube E et al. (2009b) Island like radiation of *Saussurea* (Asteraceae: Cardueae) triggered by uplifts of the Qinghai-Tibetan Plateau Bot J Lin Soc 97(4):893–903
- Wu CY. (1988) Hengduan Mountains flora and their significance. Jpn J Bot 63(9):297–311
- Xing YP, Xu L, Chen SY et al. (2019) Comparative analysis of complete chloroplast genomes sequences of *Arctium lappa* and *A. tomentosum* Biologia Plantarum 63:565–574
- Young K, Jayasuriya H, Ondeyka JG et al. (2006) Discovery of FabH/FabF inhibitors from natural products. Antimicrob Agents Chemother 50(2):519–526
- Zhang L, Chen CJ, Chen J et al. (2014) Thiophene acetylenes and furanosesquiterpenes from *Xanthopappus subacaulis* and their antibacterial activities Phytochemistry 106:134–140
- Zheng D. (1996) The system of physico-geographical regions of the Qinghai-Tibet (Xizang) Plateau Sci China Ser D 39(4):410–417

Received June 10, 2020

Received July 12, 2020

Accepted January 18, 2022