

Complete chloroplast genomes of *Cerastium alpinum*, *C. arcticum*, and *C. nigrescens*: genome structures, comparative and phylogenetic analysis

Sylwia Milarska, Piotr Androsiuk, Łukasz Pauksto, Jan Paweł
Jastrzębski, Keith Larson, Adam Okorski, Agnieszka
Pszczółkowska, Irena Giełwanowska



UNIWERSYTET
WARMIŃSKO-MAZURSKI
W OLSZTYNIE



Cerastium alpinum

Cerastium arcticum

Cerastium nigrescens

C. alpinum-C.arcticum complex

Cerastium glomeratum

Cerastium arvense

Kompleks *C. alpinum* - *C. arcticum*

- Ogromne zróżnicowanie tego kompleksu doprowadziło do zidentyfikowania wielu gatunków, podgatunków i odmian w obrębie tej grupy roślin, w tym gatunki *C. alpinum*, *C. arcticum* i *C. nigrescens*
- Najnowsze analizy genetyczne i morfologiczne sugerują, że gatunek powszechnie znany jako *C. arcticum* w rzeczywistości składa się z dwóch odrębnych taksonów: *C. arcticum* sensu stricto i *C. nigrescens*

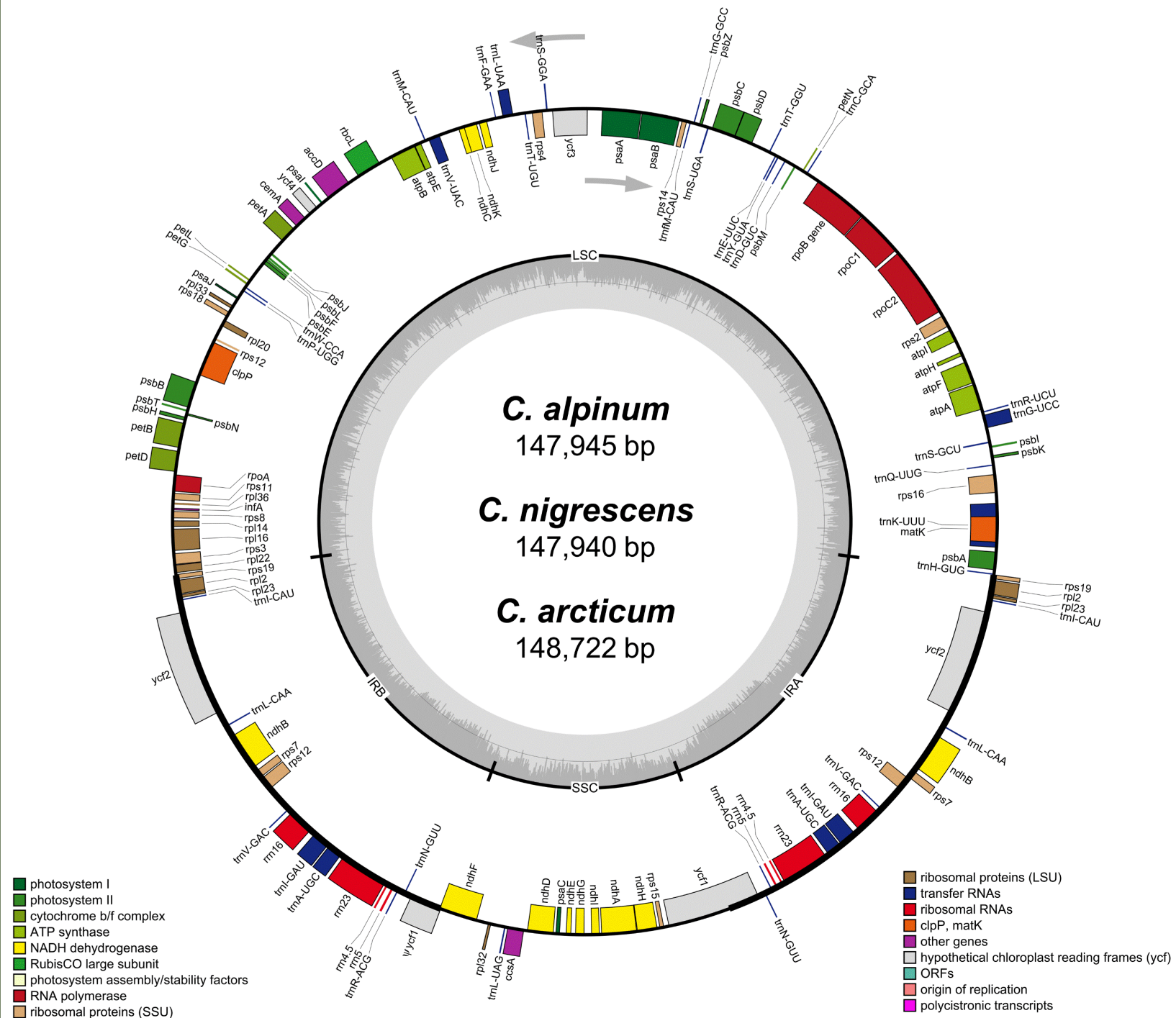
LSC – 80,076-80,835 bp

SSC – 16,850-16,861 bp

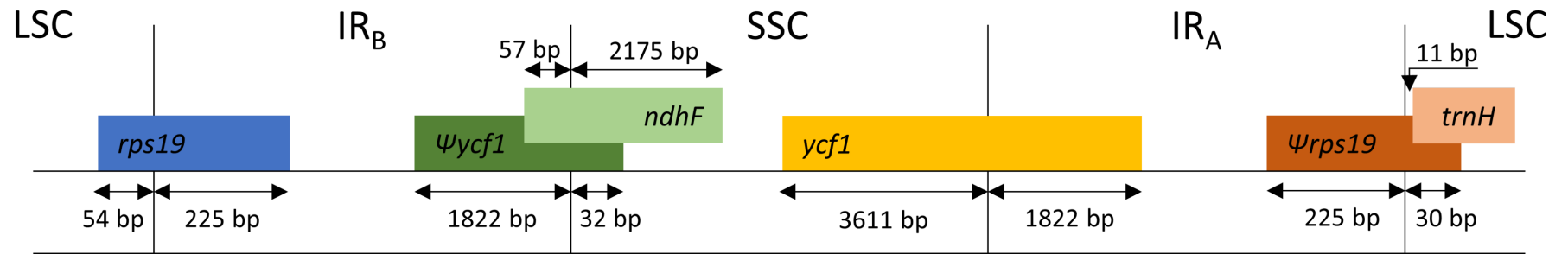
IR – 25,507-25,513 bp

113 genów, w tym:

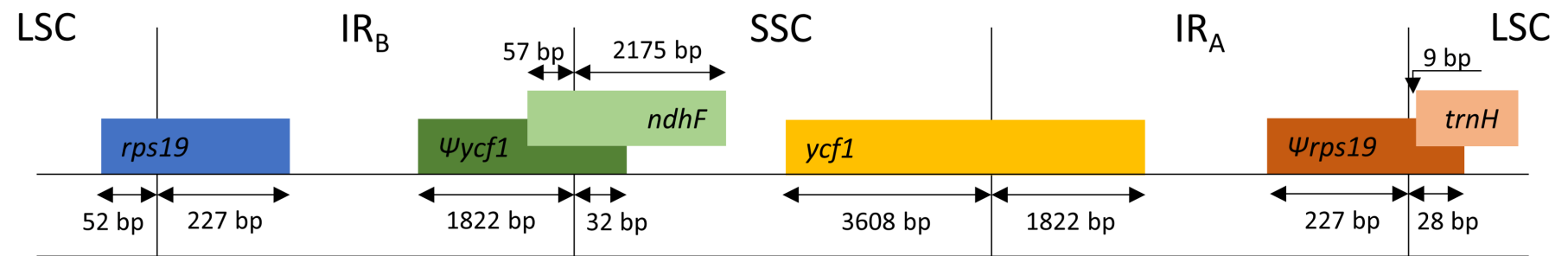
- 79 genów kodujących białka
- 30 genów tRNA
- 4 geny rRNA



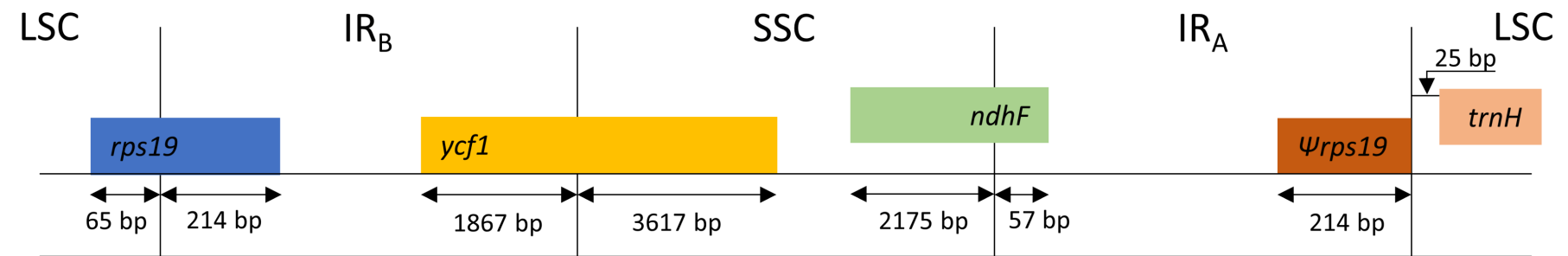
C. alpinum
C. nigrescens

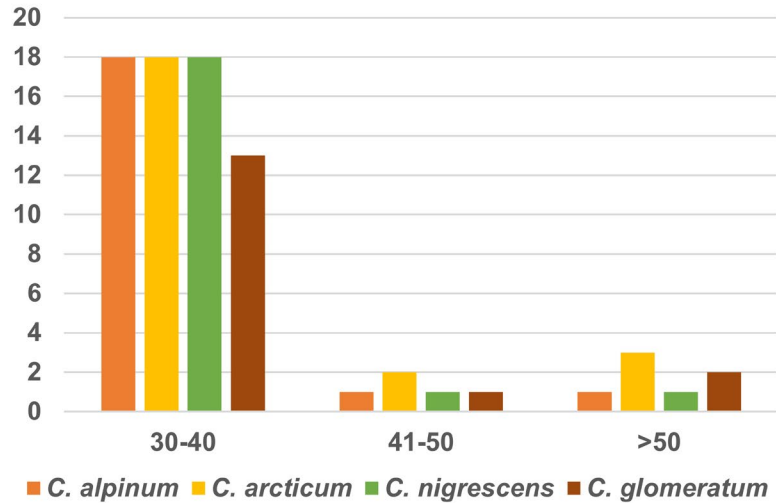
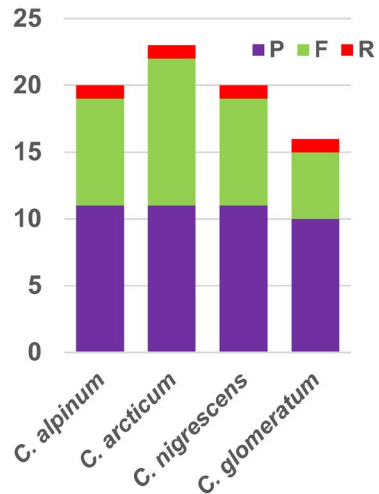
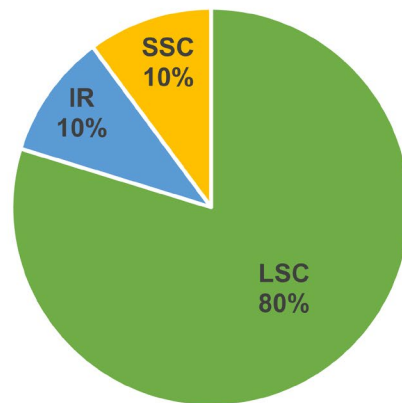


C. arcticum

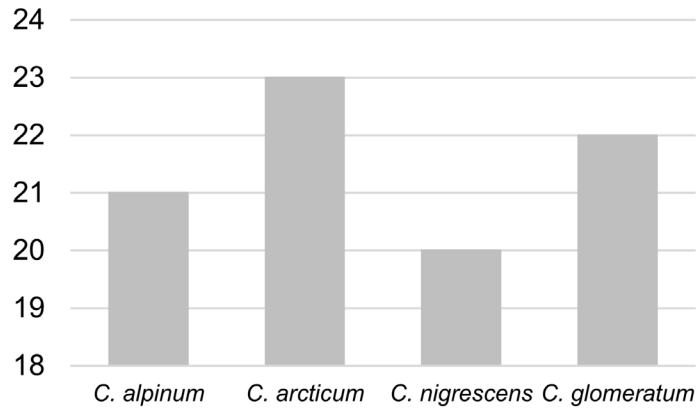
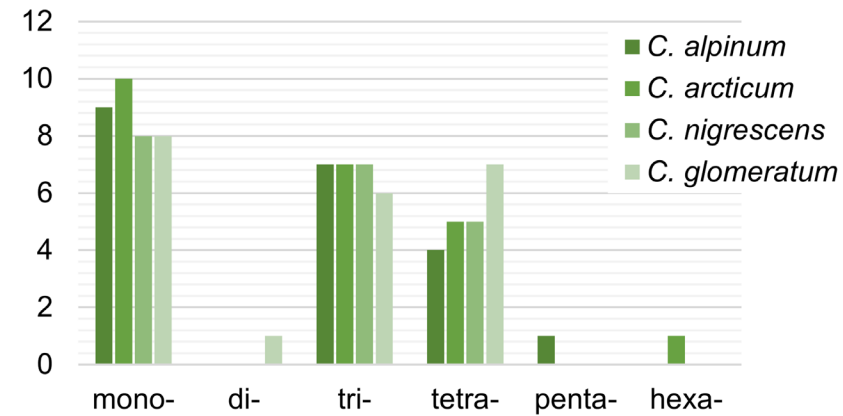


C. glomeratum

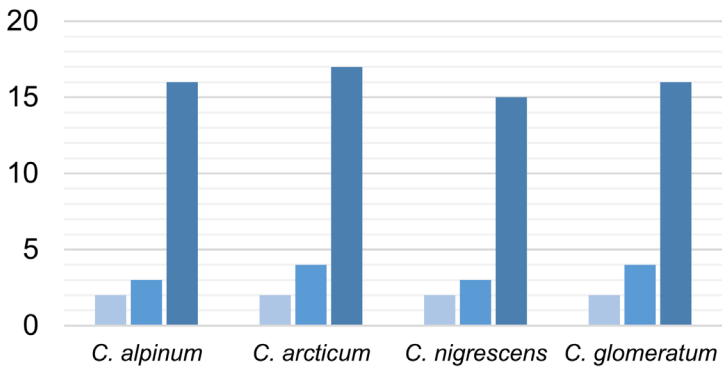


a**b****c**

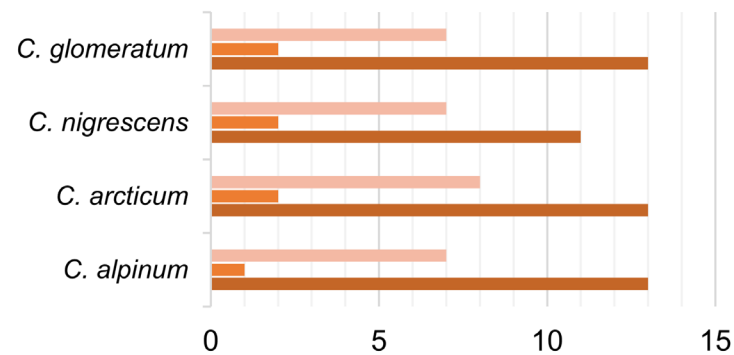
- Wykryto 79 sekwencji powtórzonych o długości od 30 do 170 bp
- Najwięcej powtórzeń zaobserwowano u *C. arcticum*, a najmniej u *C. glomeratum*
- Wśród zidentyfikowanych sekwencji dominowały sekwencje palindromowe
- Nie wykryto sekwencji komplementarnych
- Większość sekwencji występuje w regionie LSC
- Dominują sekwencje o długości od 30 do 40 bp

a**b****c**

IR SSC LSC

**d**

exon intron IGS



- Wykryto od 20 (*C. nigrescens*) do 23 (*C. arcticum*) sekwencji mikrosatelitarnych
- Najbardziej powszechne są sekwencje mononukleotydowe (A/T)
- Większość SSRs zlokalizowanych jest w regionie LSC
- Większość SSRs występuje w przestrzeniach międzygenowych

Substytucje synonimiczne i niesynonimiczne

Edycja RNA

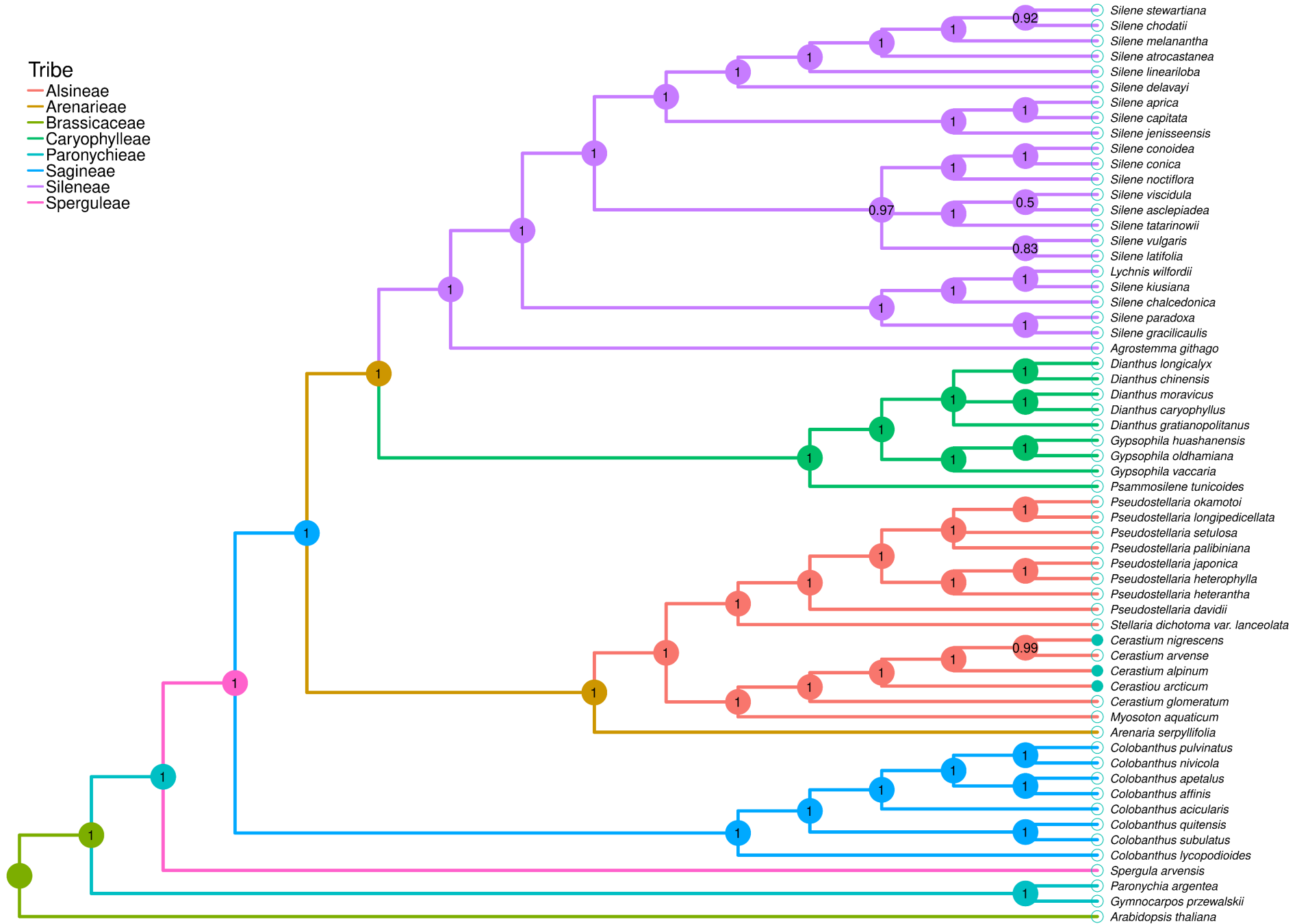
- Ks, Ka, Ka/Ks
- $Ka/Ks > 1$ selekcja pozytywna
- $Ka/Ks < 1$ selekcja negatywna
- Wartości Ka/Ks są mniejsze od 1 dla wszystkich genów, z wyjątkiem genu *ndhB* u *C. arvense* (2.7250)
- Miejsca edycji RNA: C → U (43.05-43.54%) oraz U → C (56.46-56.95%)

Parametr π

- W analizowanych genomach zidentyfikowano 9 wysoko zróżnicowanych rejonów ($\pi > 0.015$): *rpl32-trnL-UAG*, *ndhA* (intron), *rps16* (intron), *trnD-GUC-trnY-GUA*, *trnF-GAA-ndhJ*, *ndhC-trnV-UAC*, *petA-psbJ*, *psbE-petL* i *trnP-UGG-psaJ*

Tribe

- Alsineae
- Arenarieae
- Brassicaceae
- Caryophylleae
- Paronychieae
- Sagineae
- Sileneae
- Sperguleae



Podsumowanie

- Genomy chloroplastowe *Cerastium alpinum*, *C. arcticum* i *C. nigrescens* zostały zsekwencjonowane i opisane po raz pierwszy. Kompletne sekwencje zostały zdeponowane w bazie NCBI
- Genomy chloroplastowe analizowanych gatunków mają typową czteroczęściową kolistą strukturę oraz ten sam skład i organizację genów
- Zidentyfikowano również sekwencje powtarzalne i mikrosatelitarne oraz rejony o największej zmienności, które mogłyby znaleźć zastosowanie jako barkody
- Analizy filogenetyczne potwierdziły wcześniej opisywane systematyczne pokrewieństwo w obrębie rodziny Caryophyllaceae