

Rearrangement and duplication as main forces in chloroplast genome evolution in *Pines*

E. W. Noh, J. S. Lee, Y. I. Choi, M. S. Han, Y. S. Yi, S. U. Han

Noh E.W., Lee J.S., Choi Y.I., Han M.S., Yi Y.S., Han S.U., 2008. Rearrangement and duplication as main forces in chloroplast genome evolution in *Pines*. Ann. For. Res. 51: 149-150.

Abstract. The entire nucleotide sequence of the chloroplast genome (117,190bp) of Korean pine (*Pinus koraiensis*) was determined and compared with the already published genome of Japanese black pine. As in the case of Japanese black pine, it retains 475 bp inverted repeats containing 3' portion of *psbA* gene but lacking *rRNA* genes. The translated amino acid sequences of respective potential coding genes showed 77% to 100% sequence similarity to those of corresponding genes of *P. thunbergii*. When compared with Japanese black pine, the order of the genes is fairly conserved except for the *psaM* gene and *ndh* pseudo genes. Thirteen indels that are larger than 100 bp were identified from the alignment of the two pine genomes. Except for the region containing *ndh* pseudo genes and that between *psaI* and *accD*, all the large indels occur near the potential rearrangement breakpoints involving several *tRNA* genes and their neighboring sequences as repeat units. Multiple rearrangement events appeared to be responsible for the loss of a copy of *psaM* gene and *rps4* and *ycf12* pseudo genes found in Japanese black pine. In addition, the further proceeded truncation of *ndhK* pseudo gene in Korean pine and *ndhB* pseudo gene in Japanese black pine indicate that these genes are functionally redundant in pines. Surprisingly, the loss of the gene and pseudo genes are conserved among haploxyton pines

and not in diploxyton pines, suggesting that they occurred simultaneously at the time of divergence or within a short period of time after divergence of the two pine subgenera and that since then little change has occurred. There also appeared many indels that are less than 50 bps. Many of these indels appeared to be the tandem duplication products of the adjacent sequences. These tandem repeats are also very well conserved among haploxyton and among diploxyton pines.

Key words: Korean pine, haploxyton, diploxyton, chloroplast genome, duplication

Authors. E.W. Noh (ewnoh@foa.go.kr), J.S. Lee, Y.I. Choi, M.S. Han, S.U. Han - Korea Forest Research Institute, Omokdong, Suwon 441-350, Republic of Korea, Y.S. Yi - Dept. Herbal Medicine, Hoseo University, Chung Nam 336-795, Republic of Korea

Rezumat. Noh E.W., Lee J.S., Choi Y.I., Han M.S., Yi Y.S., Han S.U., 2008. Rearanjarea și duplicarea ca forțe principale în evoluția genomului cloroplastic la pini. Ann. For. Res. 51: 149-150.

Întreaga secvență nucleotidă a genomului cloroplastic (117.190bp) a pinului coreean (*Pinus koraiensis*) a fost determinată și comparată cu aceea a pinului negru japonez (*P. thunbergii*) care a fost deja publicată. Ca și în cazul pinului negru japonez, aceasta are 475 bp. de secvențe repetitive inversate conținând porțiunea 3' a genei *psbA*, dar nu prezintă gene

rRNA. Secvența de aminoacizi potențial codată de gena respectivă a prezentat între 77% și 100% similaritate cu cea a genei corespunzătoare de la *P. thunbergii*. Comparativ cu pinul negru japonez, poziția genelor este conservată satisfăcător, cu excepția genei *psaM* și a pseudogenelor *ndh*. Au fost identificate în secvența celor două genomuri de pin, 13 situri de mutații tip inserție-deleție ("indels") mai mari de 100 pb. Cu excepția regiunii conținând pseudogenele *ndh* și a acelor situate între *psaI* și *accD*, toate secvențele lungi "indel" apar în zonele potențialelor puncte sensibile pentru rearanjamente, implicând gene codificatoare ale ARN-ului de transfer (tRNA) și secvențe repetitive învecinate acestora. Multiplele evenimente de rearanjare genică par a fi responsabile de pierderea unei copii a genei *psaM* și a pseudogenelor *rps4* și *ycf12*, identificate la pinul negru japonez. În plus, fragmentarea în poziție îndepărtată a pseudogenei *ndhK* la pinul corean și a pseudogenei *ndhB* la pinul negru japonez arată faptul că aceste gene ale pinilor sunt funcțional redundante. În mod surprinzător, deleția unor anumite gene și pseudogene se conservă numai la pinii din subgenul haploxylon, nu și la cei diploxylon, ceea ce sugerează că acestea au apărut simultan în timpul divergenței celor două subgenuri de pin sau la scurt timp după aceasta, iar modificările ulterioare au fost minore. Au fost identificate de asemenea mai multe situri "indel" mai mici de 50 bps. Multe dintre acestea apar ca produși ai duplicației în tandem a secvențelor adiacente. Aceste repetiții tandem sunt de asemenea foarte bine conservate în cadrul pinilor haploxylon și diploxylon.

Cuvinte cheie: *Pinus koraiensis*, subgenurile haploxylon, diploxylon, genom cloroplastic, duplicație, indel

(Tradus de M. Palada-Nicolau)