



首页 >> 海大新闻 >> 国内首个基于三代测序技术的热带果树基因组在NCBI在线发布

国内首个基于三代测序技术的热带果树基因组在NCBI在线发布

[来源: 热带农林学院] 2017/9/30 21:00:00

2017年9月28日,海南大学胡新文教授团队在NCBI (National Center for Biotechnology Information) 在线发布了热带果树油梨 (Persea americana Mill.) 的基因组序列信息 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/biosample/7709230>)。油梨基因组是国内首次采用三代测序技术组装完成的热带果树基因组。油梨基因组的成功发布,代表着海南大学在热带植物基因组学研究领域正逐渐接近国际领先水平。

油梨 (Persea americana Mill.) 是一种樟科 (Lauraceae) 热带重要果树,在热带、亚热带及地中海气候地区广泛种植,具有重要的经济价值,是含油量最高的果树作物。其果实含高达30%的单链非饱和脂肪酸,具有降低心血管疾病的功效,并且含有的其他多种活性物质也具有抗真菌、抗肿瘤和抗氧化活性等重要作用。油梨主要有8种生态类型,3个园艺品系:墨西哥品系、西印度品系和危地马拉品系,本研究的所用材料为世界主栽品种Hass,它选自于墨西哥品系与危地马拉品系的杂交种,是目前最主要的商业品种,也是大多数油梨生产国种植最多的品种。

本油梨基因组测序工作由海南大学发起,并与中山大学肖传乐教授合作完成。其中三代测序数据组装分析采用了中山大学和海南大学最新合作开发的三代测序组装系统MECAT (该成果于9月18日Nature Methods在线发表,原文链接<https://www.nature.com/nmeth/journal/vaop/ncurrent/full/nmeth.4432.html>) 组装完成。最后组装获得1.05G的油梨基因组序列,其中contig N50 为223kb,基因组详细信息见表1。由于Hass品种属于墨西哥品系与危地马拉品系的杂交品种,基因组杂合度高结构复杂,本研究将在目前发布的基因组基础上继续深入解析相关生物学问题。

表 1 油梨基因组基本信息

Sequencing	Total data (Gb)	Number of reads	Median read length (bp)	Mean read length (bp)	Max. read length (bp)
	34.3	5,308,888	5,101	6,906	133,029
Genome assembly	Genome size (Gb)	Number of contigs	Contig N50	Mean contig length (bp)	Max. contig length (bp)
	1.05	14,777	223kb	76,008	2,504,823

<http://www.hainu.edu.cn>

该文发表于 2017/9/30 20:58:00 已被 编辑 2017/9/30 21:00:00

1 内容编辑: lio