



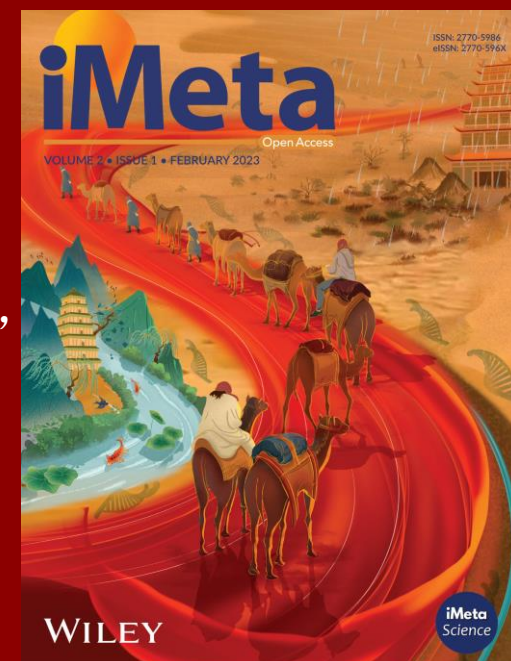
两个高粱基因组的完整端粒到端粒组装 以指导生物学发现

魏传正¹, 高磊¹, 肖瑞雪¹, 王彦博¹, 陈冰孺², 邹文会¹, 李继红²,
Emma Mace³, David Jordan³, 陶永富¹

¹中国农业科学院深圳农业基因组研究所

²吉林省农业科学院

²昆士兰大学

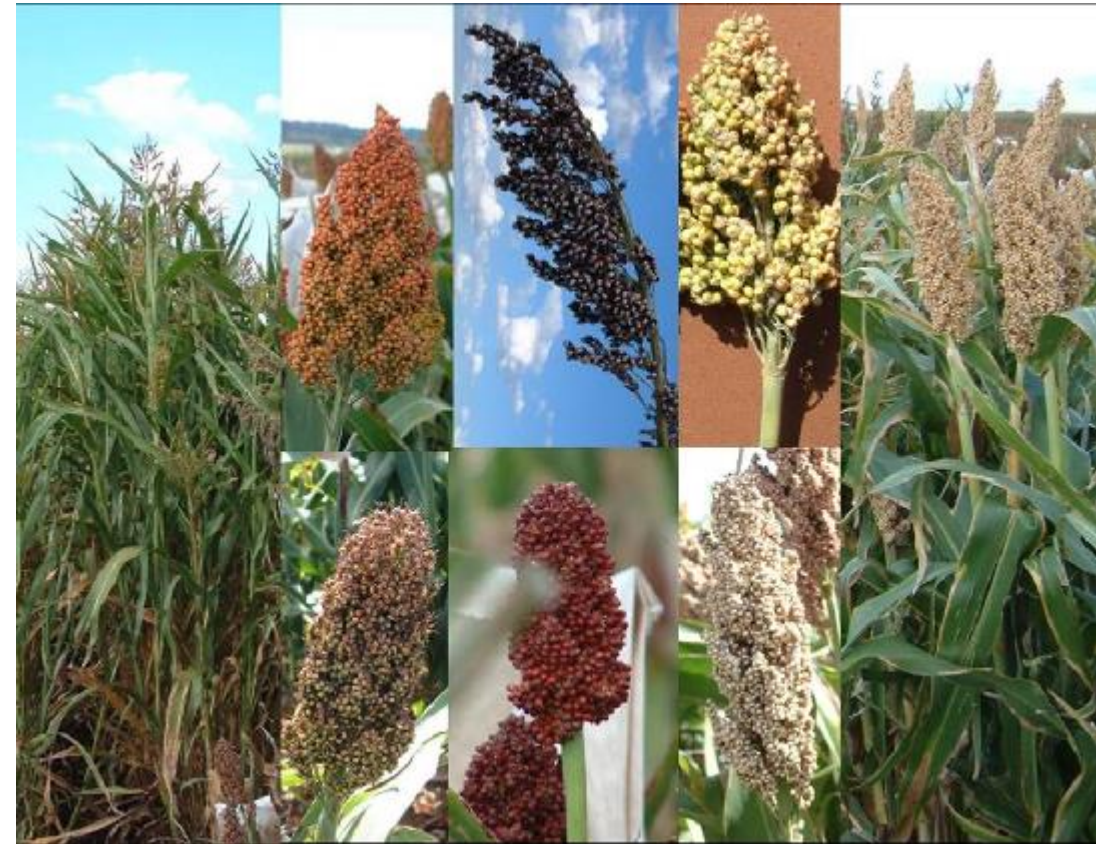


Wei, Lei Gao, Ruixue Xiao, Yanbo Wang, Bingru Chen, Wenhui Zou, Jihong Li, Emma Mace, David Jordan, Yongfu Tao. 2024. Complete telomere-to-telomere assemblies of two sorghum genomes to guide biological discovery.

iMeta 3: e193. <https://doi.org/10.1002/imt2.193>

背景

- 高粱是世界第五大谷物
- 高粱对干旱、高温、盐碱和土壤贫瘠等环境逆境有良好的适应性
- 高粱能够快速高效积累生物质，在生物能源领域展现出了巨大的潜力





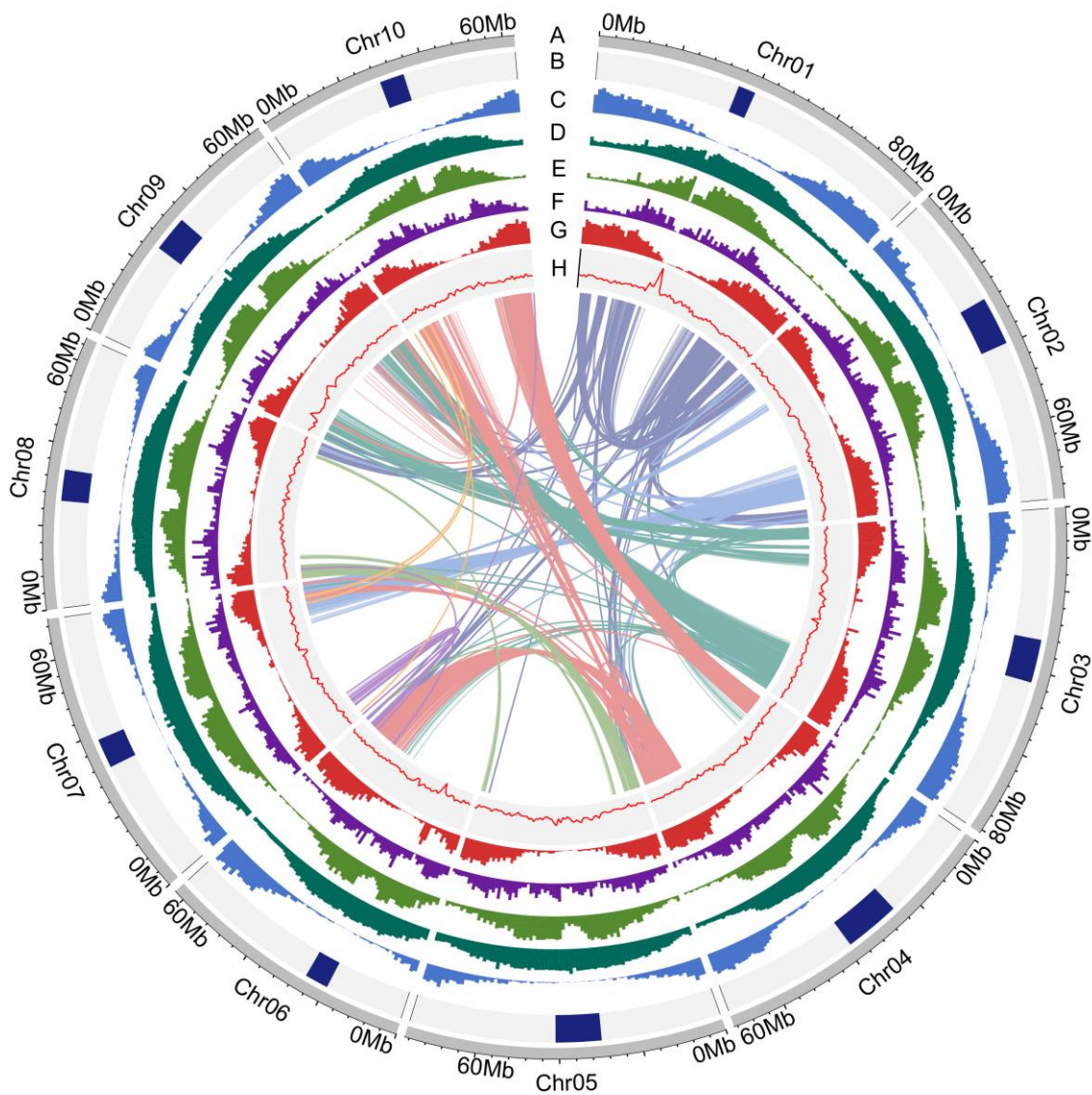
背景

	<i>Sorghum bicolor</i> reference genome statistics	
	Version 1	Version 3
Number of pseudomolecules	10	10
Number of contigs	6929	2688
Scaffold sequence (Mbp)	659.2	683.6
Contig sequence (Mbp)	625.6	655.2
Scaffold N50 (Mbp)	64.3	68.7
Contig N50 (Mbp)	0.2045	1.5
Scaffold L50	5	5
Contig L50	838	71
Unmapped sequence (Mbp)	71.9	20.2
Estimated error rate	<1 per 10 kbp	<1 per 100 kbp

目前高粱的参考基因组是2017年发表的BTx623基因组 (version3) ; 基因组中的多个关键区域尚未准确组装, 包括2678个缺口 (gap) 和18个端粒未完成拼接。

结果

● 两个高粱T2T基因组组装

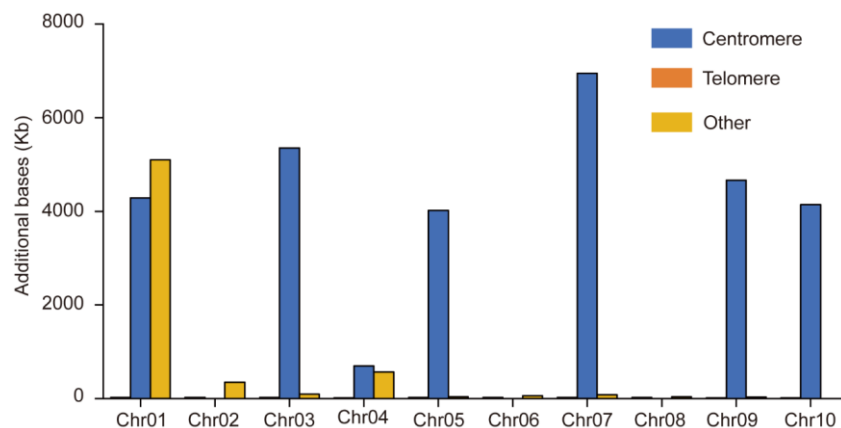
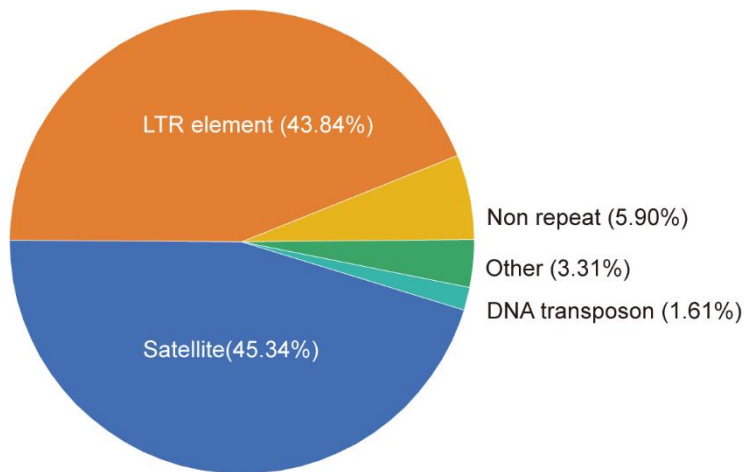


Summary of genome assembly

Parameters	BTx623-T2T	Ji2055-T2T
Chromosomal genome size (bp)	719899664	722964161
Contig N50 (bp)	72850042	73908011
L50	5	5
LTR Assembly Index	25.17	24.07
HiFi mapping rate	100%	100%
ONT mapping rate	99.99%	99.85%
BUSCO	98.5%	98.6%
Genome quality value score(QV)	70.93	71.98
Base error rate	3.87×10^{-7}	3.99×10^{-7}



结果

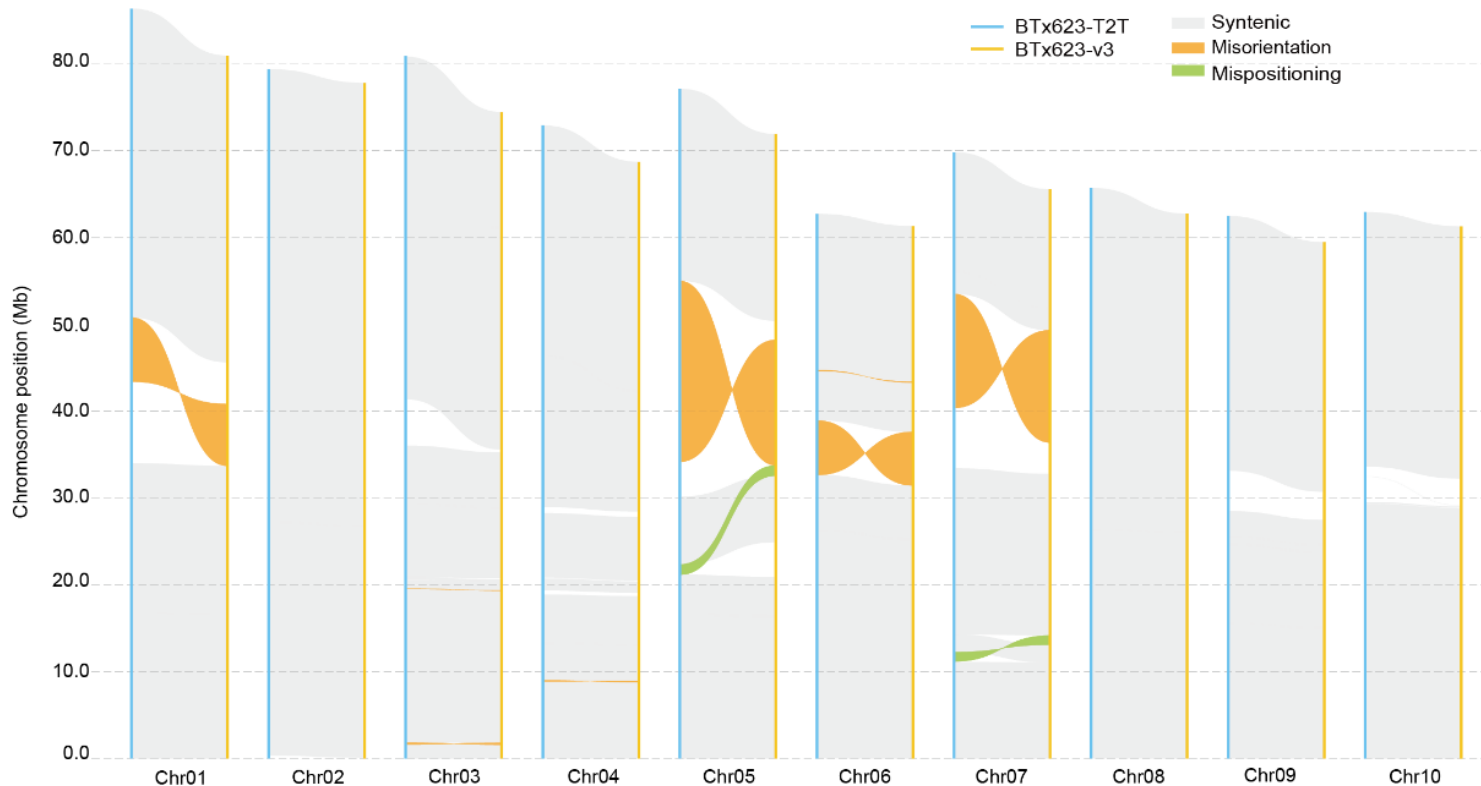


● 识别先前组装错误

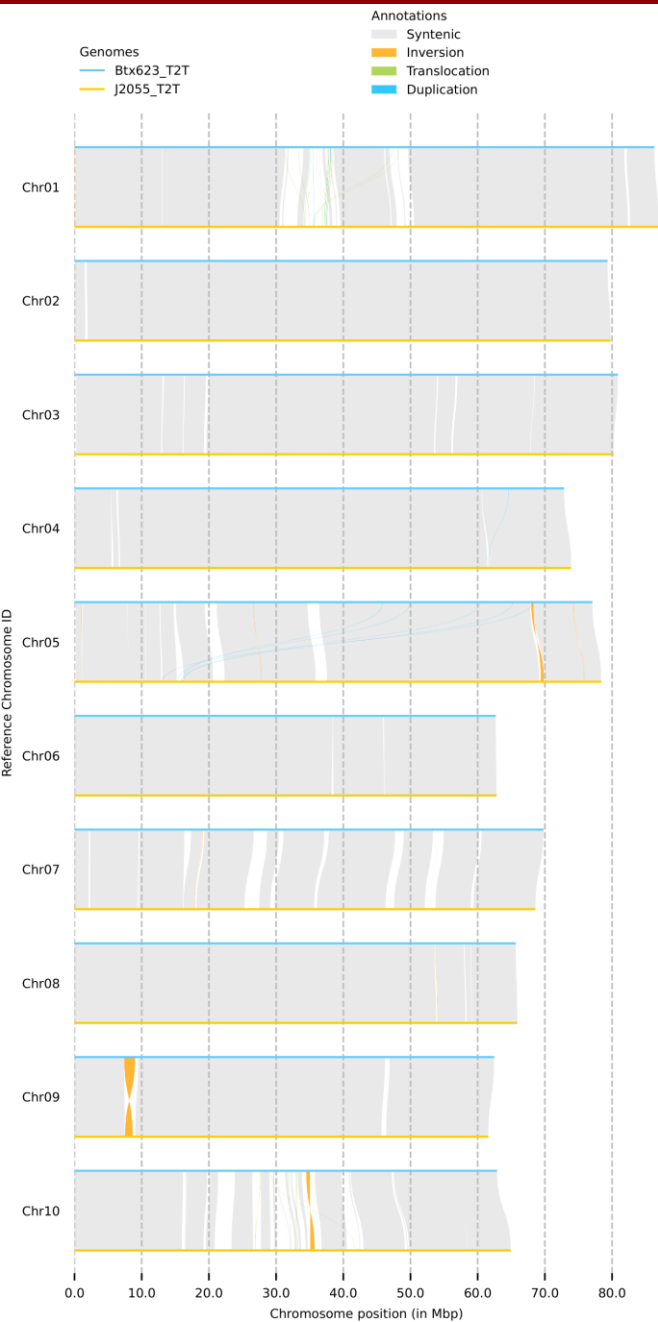
➤ 填补了所有的gap区域,

➤ 新增了36.25M的新组装序列,
新注释了133个基因

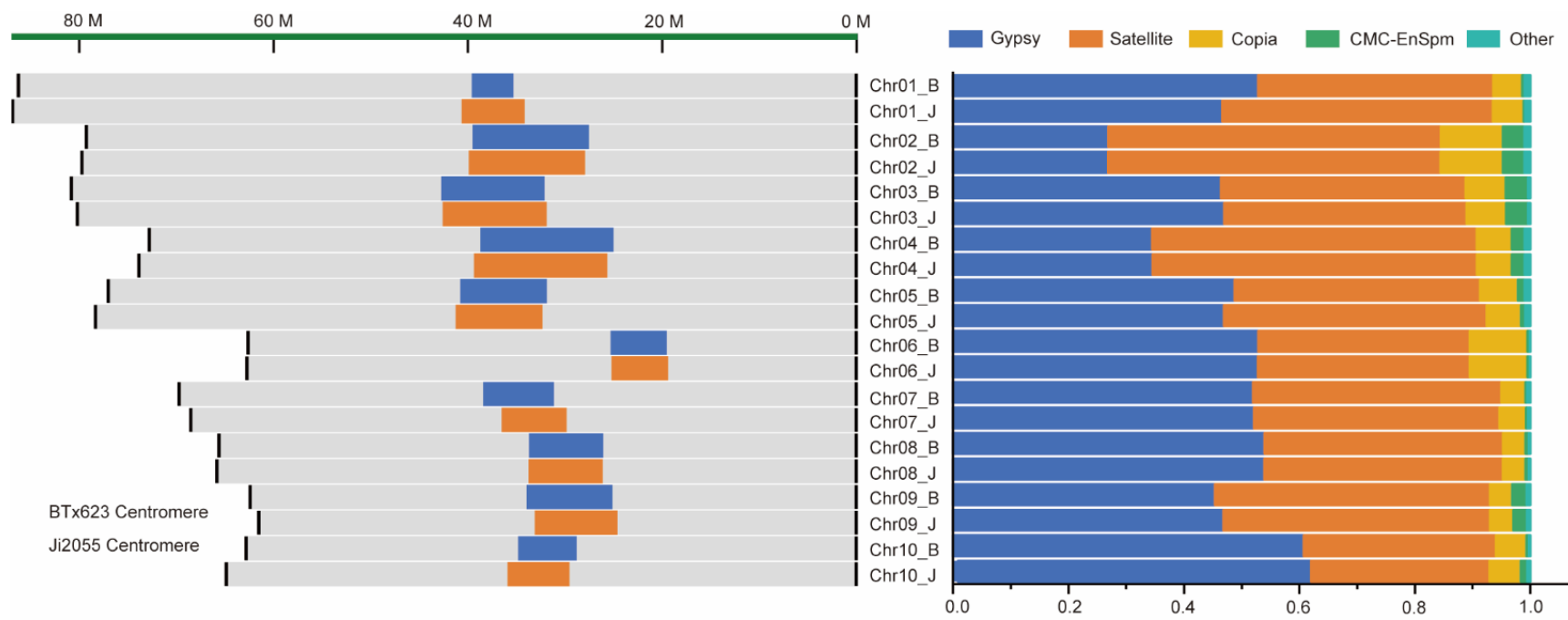
➤ 纠正了4个大于5Mb的错误方向
和2个大于1Mb的错误位置。



结果



- 参考自交系BTx623和中国流行自交系Ji2055之间的序列差异
- 1号和10号染色体的着丝粒区域染色在两个材料之间存在的明显变异，其余染色体的着丝粒区域则基本一致；
- 重复元件组成没有明显差异；
- 在非着丝粒区域发现了6个大于50Kb的倒位。

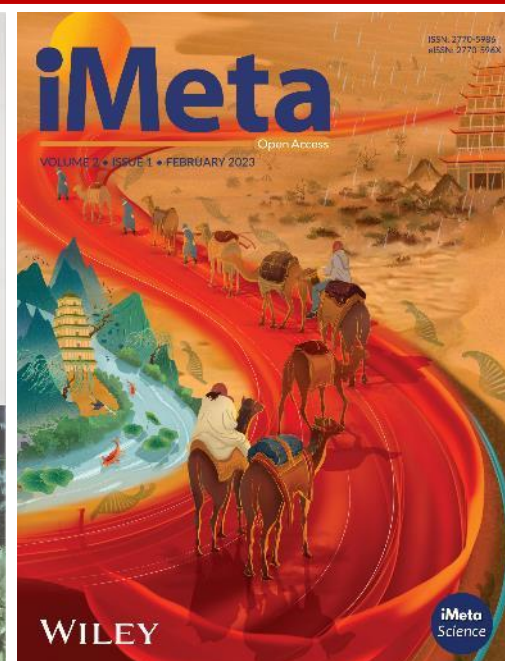




总结

- 完成了BTx623和Ji2055两个高粱种质的T2T基因组组装；
- 纠正了先前版本参考基因组的组装错误；
- 解析了参考自交系BTx623和中国代表自交系Ji2055之间的序列差异。

Wei, Lei Gao, Ruixue Xiao, Yanbo Wang, Bingru Chen, Wenhui Zou, Jihong Li, Emma Mace, David Jordan, Yongfu Tao. 2024. Complete telomere-to-telomere assemblies of two sorghum genomes to guide biological discovery. *iMeta* 3: e193. <https://doi.org/10.1002/imt2.193>



“**iMeta**”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF>20)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、中英双语、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月发行，相继被**ESCI**、**Google Scholar**、**DOAJ**、**Scopus**等数据库收录，发文161篇，被引2316次([Dimension](#), 2024/2/19)!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

