



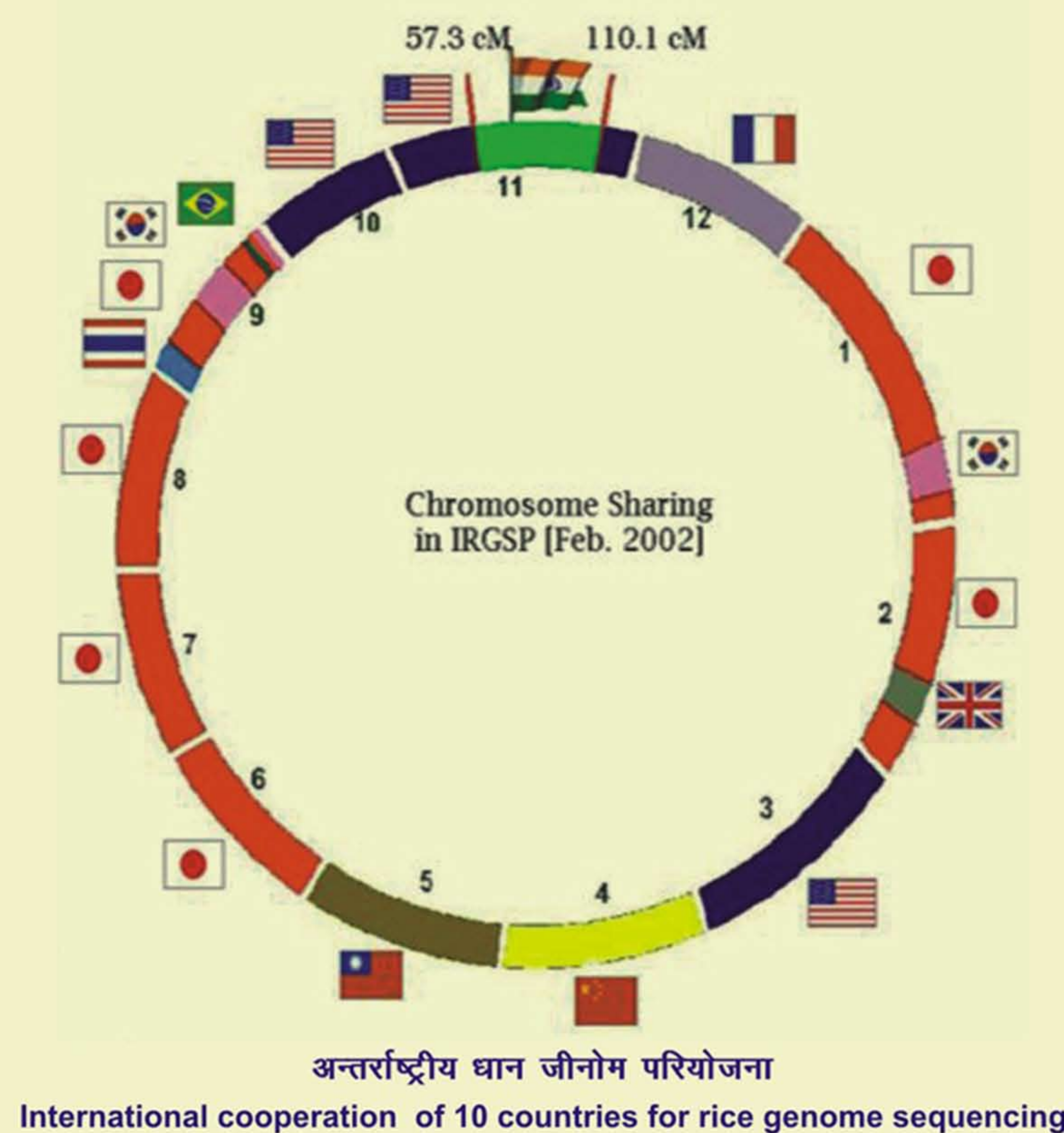
# खाद्यान्न फसलों में जीनोम अनुक्रमण

## GENOME SEQUENCING IN CROP PLANTS



### धान जीनोम

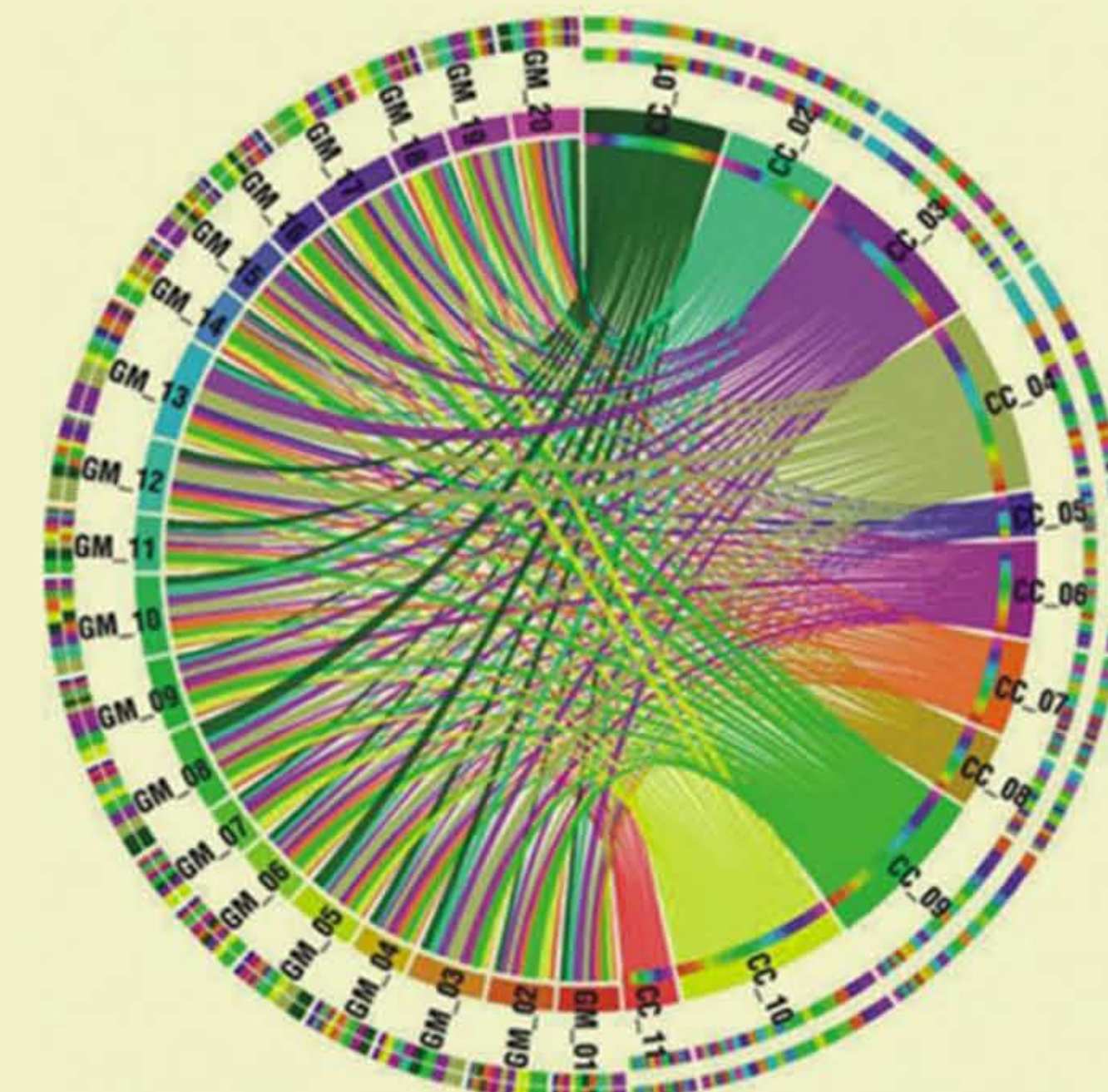
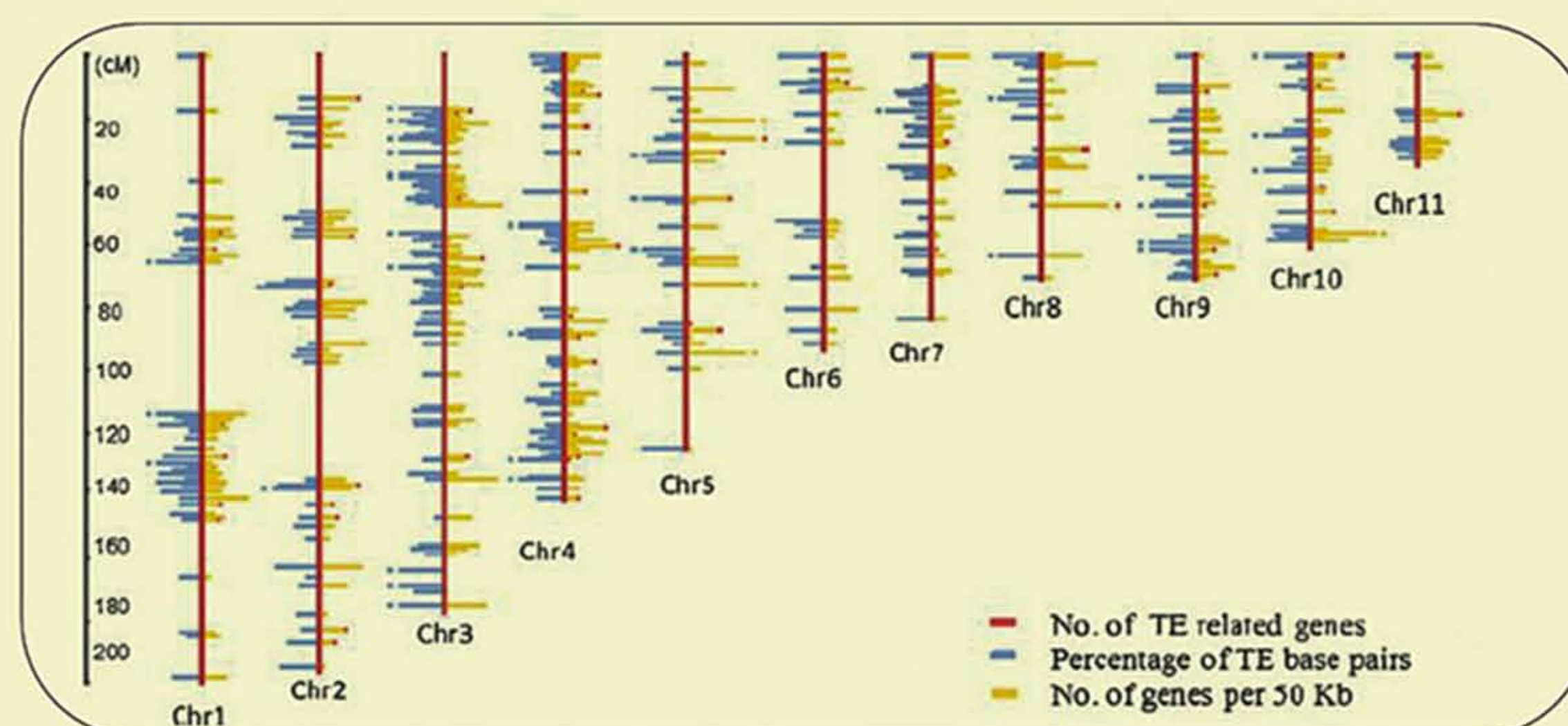
#### Rice Genome



- केन्द्र ने अन्तर्राष्ट्रीय धान जीनोम परियोजना में सहभागिता कर धान के गुण सूत्र 11 की दीर्घ भुजा के आनुवांशिकी अंतराल 53.9 से 83.9 cM तक का अनुक्रमण किया है।
- धान जीनोम का कुल आकार 3890 लाख बेस पेयर है। इसमें कुल 37,544 प्रोटीन बनाने वाले जीन हैं।
- केन्द्र ने 57 बैक, एक पैक एवं दो फॉस्मिड क्लॉस का अनुक्रमण कर 8176601 bp उच्च गुणवत्ता वाले अनुक्रम का सृजन किया।
- तुलनात्मक अध्ययन से पता चला है कि धान के 12 गुण सूत्र तथा गेहूँ के 7 गुण सूत्र की उत्पत्ति एक ही स्रोत से हुई है।
- NRCPB participated the International Rice Genome Sequencing Project and sequenced the long arm of rice chromosome 11 in the genetic interval of 53.9 to 83.9 cM.
- The total size of rice genome is 389 million base pairs, with 37,544 protein coding genes.
- A total of 57 BAC, one PAC and two Fosmid clones were sequenced at NRCPB generating 8176601 bp of high quality sequence data.
- A comparison of the rice and wheat genomes revealed a common origin of the 12 rice chromosomes and 7 wheat chromosome groups.

### अरहर जीनोम

#### Pigeonpea Genome



अरहर के ग्यारह (11) गुणसूत्रों पर 347 स्थिरक स्केफ़ोल्ड में जीनों एवं टी. ई. पुनरावृत्ति के घनत्व  
Density of genes and TE repeats in the 347 anchored scaffolds on the 11 chromosome of pigeonpea

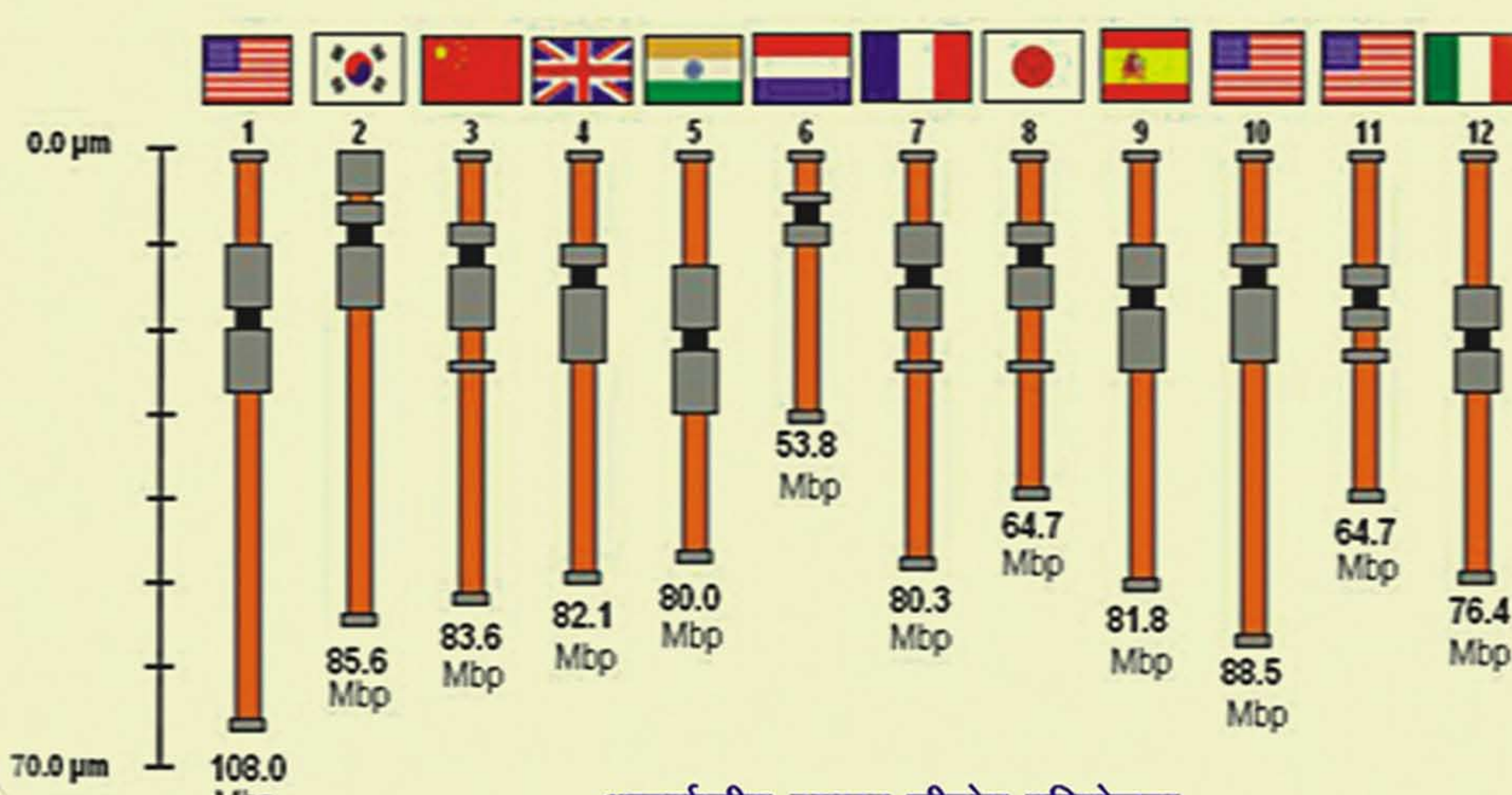
512 एकल प्रतिरूप जीनों के आधार पर अरहर के ग्यारह जोड़े एवं सोयाबीन के बीस जोड़े गुणसूत्रों के बीच सिन्थेटिक वृत्तीय मानचित्र संबंध  
Circular map of syntenic relationship between 11 pairs of pigeonpea and 20 pairs of soybean chromosomes based on 512 single copy genes

- भा.कृ.अनु.प. के मार्गदर्शन में यह पहला पादप जीनोम है जिसका अनुक्रमण पूरी तरह भारतीय संस्थानों के द्वारा किया गया। अरहर की नई किस्मों के विकास में यह भाग्य बहुमूल्य संसाधन प्रदान करता है।
- अरहर भारतीय उप महाद्वीप, दक्षिण पूर्व एशिया एवं अफ्रीका का एक महत्वपूर्ण दलहन फसल है। भारत पूरे विश्व का 85 प्रतिशत से ज्यादा अरहर की उपज एवं खपत करता है जो भारत की खाद्य एवं पोषक सुरक्षा दृष्टिकोण से महत्वपूर्ण फसल है। अरहर का अनुमानित जीनोम आकार 858 है जो 11 गुणसूत्रों में व्यवस्थित है।
- अरहर की प्रचलित किस्म 'आशा' का जीनोम अनुक्रमण सफलता पूर्वक एन.जी.एस. तकनीक द्वारा पूरा कर लिया गया। विस्तृत अनुक्रम कंटीग जो अरहर के 60 प्रतिशत हिस्से को दर्शाता है, का उपयोग एस एस आर लोसाईए एस. एन. पी. मार्कर, ट्रांसक्रिप्ट प्रोफाइलिंग, सघन आनुवांशिकी मानचित्र को पता करने में हुआ।
- This is the first plant genome sequence completed entirely through a network of Indian institutions led by the Indian Council of Agricultural Research. It provides a valuable resource for the pigeonpea variety improvement.
- Pigeonpea (*Cajanus cajan*) is an important grain legume of the Indian subcontinent, South-East Asia and East Africa. More than 85 % of the world pigeonpea is produced and consumed in India where it is a key crop for food and nutritional security of the people. The estimated size of pigeonpea genome packed in 11 chromosomes is 858 Mbp.
- Genome sequencing of popular pigeonpea variety "Asha" was accomplished through NGS technology. The large sequence contigs, representing about 60% of the pigeonpea genome were used for generating large genomic resources including, SSR and SNP markers, transcriptome profile and high density genetic map.

### टमाटर जीनोम

#### Tomato Genome

- केन्द्र ने अन्तर्राष्ट्रीय परियोजना के अंतर्गत टमाटर जीनोम के गुणसूत्र 5 की दीर्घ भुजा का अनुक्रमण कर लिया है।
- टमाटर के जीनोम का आकार कुल 9500 लाख बेस पेयर है किंतु इसका केवल 20 प्रतिशत भाग जीन से परिपूर्ण है जिसमें कुल 40,000 से अधिक प्रोटीन कोडिंग जीन है।
- NRCPB was also a partner in tomato genome sequencing consortium comprising of 10 countries and has sequenced the long arm of chromosome 5.
- The size of tomato genome is about 950 million base pairs, but only 20 percent of this is gene-rich estimated to have more than 40,000 protein coding genes.



अन्तर्राष्ट्रीय टमाटर जीनोम परियोजना  
International cooperation of 11 countries for tomato genome sequencing