**【*Phyllothelys*\_*breve*线粒体基因组组装、注释方法及结果说明】**

***Phyllothelys\_breve***

**(一) 测序情况：**测序共得到23,616,864条150 bp读长的Paired-End Reads，用于线粒体基因组组装的序列为57,497条。

**(二) 组装情况：**组装采用Hahn et al. (2013)的组装方法，组装所需参考序列选用已上传的线粒体基因组序列*Phyllothelys sp. 1 JZ-2017* (KY689119)。本项目最终组装得到线粒体基因组(长度为15,896 bp；覆盖率为533.5 X)的全长序列。

**(三) 基因组注释：**使用Geneious 11.0.2，蛋白质编码基因和rRNA基因主要采用与GenBank现有的物种*Phyllothelys sp. 1 JZ-2017* (KY689119)、*Phyllothelys sp. 2 JZ-2017* (KY689129)、*Tenodera sinensis* (KY689132)、*Tamolanica tamolana* (DQ241797)的线粒体基因组进行比对确定，tRNA基因通过tRNAScan-SE server v 1.21 (Lowe and Eddy 1997)和MITOS WebSever (Bernt et al. 2013)预测确定。

**(四) 基因组图谱：**采用OGDraw在线工具(Lohse et al. 2013)（<http://ogdraw.mpimp-golm.mpg.de/>）进行线粒体基因组环状图谱制作。

**(五) 结果文件：**包含数据质控结果文件，包含注释版【GB格式】、【GFF3格式】和纯序列版【.fasta格式】文件、注释结果表格及环状图谱各1个，包含tRNA二级结构预测文件。

**相关文献**

Bernt M, Donath A, Jühling F, Externbrink F, Florentz C, Fritzsch G, Pütz J, Middendorf M, Stadler P F. (2013). MITOS: Improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation. Mol Phylogenet Evol 69:313–319.

Hahn C, Bachmann L, Chevreux B. (2013). Reconstructing mitochondrial genomes directly from genomic next-generation sequencing reads—a baiting and iterative mapping approach. Nucl Acids Res 41:e129.

Lohse M, Drechsel O, Kahlau S, Bock R. (2013). OrganellarGenomeDRAW—a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets. Nucl Acids Res 41:W575-W81.

Lowe T, Eddy S. (1997). tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. Nucl Acids Res 25:955–964.