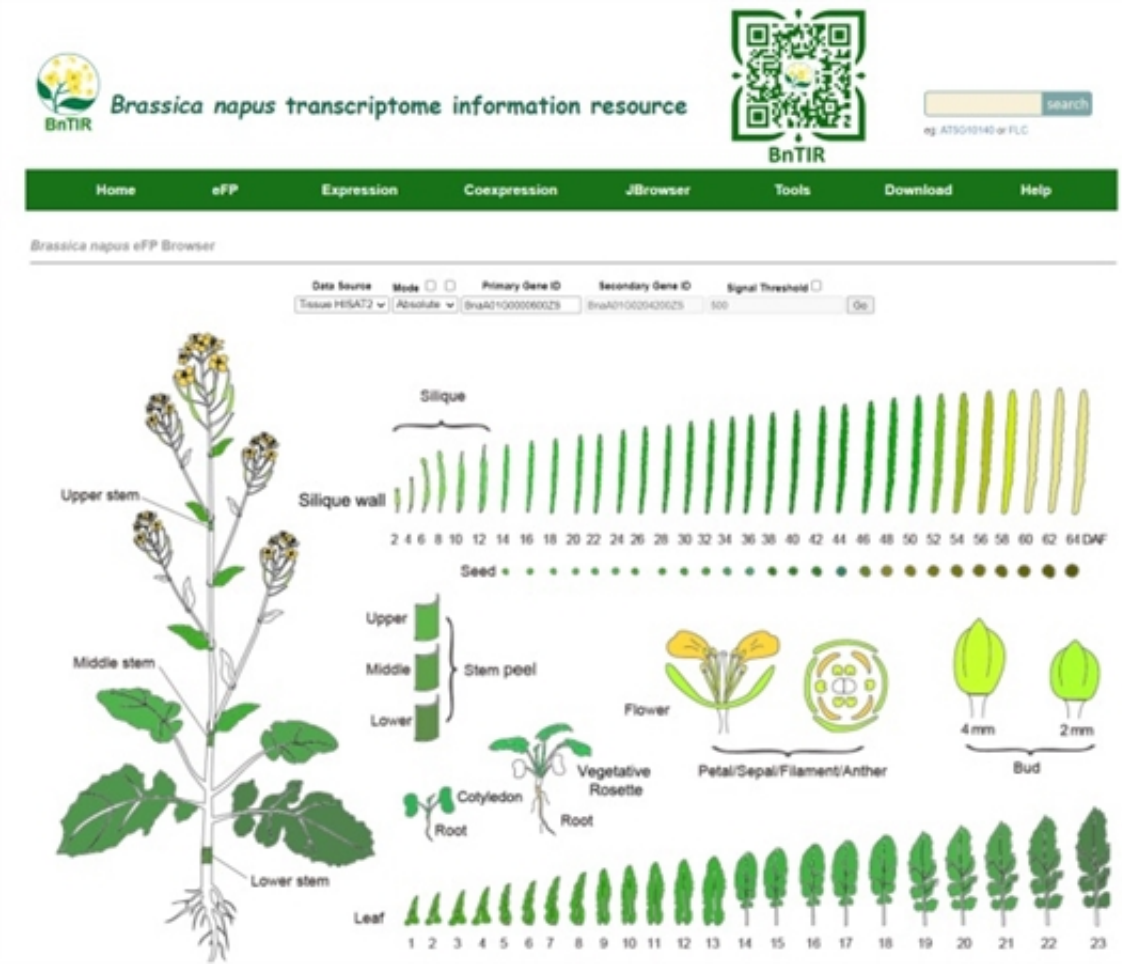
科学家发布油菜转录组数据库

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/14764.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

科学家发布油菜转录组数据库。



图片来源：BnTIR

油菜作为我国最重要的油料作物之一，种植面积常年稳居世界第一，产业集观赏、蜜源、生态、经济作物等多种功能于一身。菜籽油是我国传统的食用油，占国产植物油总量的40%以上，被认为是最有利于身体健康的食用油之一。油菜基因组测序的完成，极大地推动了油菜基础研究的进

展，基因组测序技术广泛应用和测序数据的积累，为研究人员挖掘重要的功能基因提供了便利。

在过去的十年时间里，研究者鉴定了数以百计的控制油菜重要农艺性状的遗传位点。但人们对于这些位点的主效基因及其分子机制的了解非常有限。系统全面的基因表达信息有助于研究者们快速挖掘候选基因、分析目标基因的表达特征，为基因的功能研究提供相应的基础和支撑。因此，一套系统的，覆盖油菜全生育期、全组织的高分辨率转录组数据将会极大地促进油菜遗传育种和基因功能研究。

近日，《植物生物技术杂志》在线发表研究文章，提供了涵盖油菜苗期、开花期、成熟期3个阶段，共91个组织样本的转录组数据，并以此为基础搭建了油菜转录信息资源数据库BnTIR（http://yanglab.hzau.edu.cn/BnTIR）。该研究工作由华中农业大学生物信息团队杨庆勇、油菜团队郭亮等共同完成。

在该研究中，作者基于高质量的转录组数据，建立了BnTIR数据库。该数据库集合了基因表达信息查询、eFP可视化、基因共表达网络、基因组浏览器等功能模块，并提供了基因ID转换、序列比对、序列提取、转录因子家族以及热图绘制等工具，为研究者提供了一个方便快捷、功能全面的信息获取平台。另外，数据中还包括了油菜发育中种子26个时间点的基因表达谱，这对于油菜种子发育过程相关研究具有重要意义。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/pbi.13665

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：杨庆勇等 来源：《植物生物技术杂志》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发