首个菊科多组学数据平台AMIR发布

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/29793.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！

首个菊科多组学数据平台AMIR发布。10月8日，华中农业大学果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室、药用植物资源可持续利用团队梅之南教授和杨庆勇教授课题组，发布了首个专门面向菊科植物的多组学数据库平台——Asteraceae Multi-omics Information Resource（AMIR）。该平台涵盖了74种菊科植物的多组学数据，为全球植物科学家和育种学家提供了重要的数据支持和分析工具。相关研究成果在线发表于《核酸研究》（Nucleic Acids Research）。

菊科植物是被子植物中的一个重要类群，包含许多重要的经济的作物，如油料作物向日葵、蔬菜莴苣和观赏及药用作物菊花等。然而，由于菊科植物基因组复杂，并且缺乏相关数据的整合和便利的分析工具，导致菊科植物的后基因组时代研究耗时耗力。

该研究发布的AMIR数据库整合了132个基因组、3897个转录组样本、4276万个遗传变异以及近1.6万个代谢物基因，提供了可靠的数据支持，助力菊科植物的基因功能解析和种间比较研究。数据库搭建菊科植物首个的超级泛基因组模块，使研究人员能够快速了解目标基因在菊科植物中的保守性和多样性，为作物的分子育种开辟了新的可能。此外，AMIR还引入了多种分析工具，包括基因同源搜索、基因表达差异分析和共表达网络分析等。这些工具帮助研究人员快速分析基因之间的关联、挖掘重要性状相关的候选基因，解读菊科植物中的重要代谢途径。

AMIR数据库的发布，有望推动菊科植物功能基因组学和群体遗传学的研究进程，为菊科植物的遗传改良和药用开发提供重要支撑。

团队负责人梅之南表示：AMIR数据库是菊科多年研究积累的结晶，通过整合多组学数据，我们填补了菊科植物基因组数据整合领域的空白，为全球植物科学家提供了一站式的数据资源和分析工具。

谈及平台前景，杨庆勇表示：未来，我们计划持续扩展AMIR数据库，涵盖更多菊科植物种类，确保全球科学家能够获得最新的研究数据和工具。这将为菊科植物的遗传改良和药用价值开发带来全新的机遇。（来源：中国科学报 王方）

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/nar/gkae833

作者：梅之南等 来源：《核酸研究》

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