
科学家构建植物微外显子数据库

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35062.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！

科学家构建植物微外显子数据库

真核生物的基因通常包含可编码的外显子（exon）和不可编码的内含子（intron）。长度 51 个核苷酸（nt）的外显子被称为微外显子（microexon）。微外显子在多种生物学过程中发挥重要作用，能够增加转录本多样性、影响蛋白质结构，并参与调控网络的复杂化过程。在动物中，微外显子已被证实可以调控蛋白质结合域功能、参与发育过程并帮助生物适应环境变化。然而，植物中的微外显子，特别是长度 15 nt 的极小微外显子的研究较少。由于其长度过短，鉴定和功能研究存在困难，容易在基因组注释和转录组研究中缺失，导致基因结构模型错误。

前期，中国科学院昆明植物研究所喻辉辉等开发了精准鉴定植物微外显子的方法，发现植物微外显子具有特殊的剪接模式，在基因功能和系统进化中具有重要作用。同时，他们还开发了不依赖于转录组数据的植物微外显子预测方法，显著提高了基因组注释的准确性。

基于此，喻辉辉联合美国内布拉斯加大学教授 Chi Zhang 和 Hongfeng Yu 团队，成功构建了首个植物微外显子数据库 MEPDB。

该数据库包含 132 个植物基因组的 20,224 个微外显子，主要功能包括：

1. 微外显子簇与物种浏览

数据库首页展示 45 个保守微外显子簇和 132 个植物物种列表，其中 16 个物种配有物种图片，并包含 JBrowse 基因组浏览器（10 个物种包含 RNA-seq 数据）。用户可通过点击簇或物种名称查看对应微外显子的详细信息。

2. 微外显子详情展示

单个微外显子页面显示其 ID、基因组坐标、长度、相位、微外显子标签序列等信息。数据整合自参考基因组注释、RNA-seq 证据及 MEPmodeler 预测结果，并通过 JBrowse 可视化基因结构。

3. 在线预测工具

集成 MEPmodeler 在线预测服务，支持用户提交 200nt 至 1Mb 的基因组序列（粘贴或上传 FASTA 文件），返回微外显子位置、标签坐标及预测评分。结果可下载为 CSV 格式（含序列和评分）。

4. 数据下载功能

提供批量下载页面，包含全部20,224个微外显子的基本信息、注释、预测结果及RNA-seq数据，支持标准化格式以便整合至其他数据库。所有数据同步存档于Zenodo开放平台。

相关成果近期在线发表于《新植物学家》（New Phytologist）。

[论文链接](#)

[数据库链接](#)

研究团队单位：昆明植物研究所

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](http://www.iikx.com)转发