时空三极环境大数据平台

**青藏高原伴生植物基因组（2018年6月）**

英文标题：The genome of associated plants in Tibet Plateau on Jun , 2018

1、摘要

为了解析蔓菁如何、何时进入青藏高原，探讨蔓菁在青藏高原传播与驯化与早期人类活动的高原定居和古丝绸交流之间的关系，2018年6月，课题组利用三代基因组测序技术，对一个青藏高原的蔓菁自交F1代品种进行全基因组测序和De Novo组装，得到组装基因组大小为409.69 Mb，Contig N50为1.21 Mb。这一结果可为研究植物扩散与人类活动之间的关系提供遗传基础。高原各地的传统蔓菁品种是人类选择和基于区域气候环境自然选择的综合作用结果，因此这项研究有助于揭示人工驯化和人类选择对蔓菁的遗传分化的影响，以及蔓菁适应高原生态环境的适应性机制。

2、关键词

主题关键词：农田,农业资源,植被,蔓菁  
学科关键词：陆地表层,人地关系  
地点关键词：青藏高原, 泛第三极  
时间关键词：2018

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：

3.文件大小：46080.0MB

4.数据格式：None

4、空间范围

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| - | 北：32.0 | - |
| 西：95.0 | - | 东：97.0 |
| - | 南：31.0 | - |

5、时间范围2018-01-08 00:00:00+00:00--2019-01-07 00:00:00+00:00

6、引用方式

数据的引用:

段元文. 青藏高原伴生植物基因组（2018年6月）. 时空三极环境大数据平台, DOI:10.11888/Ecolo.tpdc.270243, CSTR:18406.11.Ecolo.tpdc.270243, 2019.[DUAN Yuanwen. The genome of associated plants in Tibet Plateau on Jun , 2018. A Big Earth Data Platform for Three Poles, DOI:10.11888/Ecolo.tpdc.270243, CSTR:18406.11.Ecolo.tpdc.270243, 2019]

文章的引用:

杨云强, 孙旭东, 孔祥翔, 王春涛, 杨雅, 尹欣, 杨丹妮, 段元文, 杨永平. (2019). 蔓菁基因组对葡萄糖苷生物合成独立进化的启示. 自然通讯, V34(4), 848-854.

7、资助项目信息

泛第三极环境变化与绿色丝绸之路建设专项

8、数据资源提供者

姓名: 段元文  
单位: 中国科学院昆明植物研究所  
电子邮件: duanyw@mail.kib.ac.cn