时空三极环境大数据平台

**植物Hi-C测序数据（2019）**

英文标题：Plant Hi-C sequencing data (2019)

1、摘要

蔓菁基因组序列，经过Hi-C测序后的生物信息学分析可以实现将初步组装的基因组草图中的大部分序列定位到染色体，并能够确定这些序列在染色体上的顺序和方向，为获得高质量的序列图谱奠定重要的基础。故课题组通过该技术把蔓菁基因组序列草图中的序列分别划分到同该物种染色体数目一致的群组（Group）中，并且确定每一群组中所有序列的顺序（Order）及方向（Orientation），之后可以结合参考蔓菁基因组、转录组组装序列（EST序列）、近缘物种及遗传图谱数据对划分群组的准确性及序列之间的顺序和方向进行评估。

2、关键词

主题关键词：农业资源
学科关键词：人地关系
地点关键词：青藏高原
时间关键词：2018

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：

3.文件大小：395.0MB

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2018-12-07 00:00:00+00:00--2023-01-06 11:59:59+00:00

6、引用方式

数据的引用:

段元文. 植物Hi-C测序数据（2019）. 时空三极环境大数据平台, DOI:10.11888/Paleoenv.tpdc.270898, CSTR:18406.11.Paleoenv.tpdc.270898, 2020.[DUAN Yuanwen. Plant Hi-C sequencing data (2019). A Big Earth Data Platform for Three Poles, DOI:10.11888/Paleoenv.tpdc.270898, CSTR:18406.11.Paleoenv.tpdc.270898, 2020]

文章的引用:

Yang, Y.Q., Sun, X.D., Kong, X.X., Wang, C.T., Yang, Y., Yin, X., Yang, D.N., Duan, Y.W., &
 Yang, Y.P. (2019). The Turnip Genome Provides Insights into Independent Evolution of Glucosinolate Biosynthesis, Nature Communications, 34(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