时空三极环境大数据平台

**沙冬青干旱胁迫响应的转录组学特征**

英文标题：Drought-response transcriptome of ammopiptanthus mongolicus

1、摘要

通过Hiseq2000对沙冬青叶片和根系进行高通量转录组测序，发现了44959个unigene。并通过数据库比对，对其中的43192个unigene进行功能注释。发现干旱处理下，在叶片和根中差异表达的基因（表达量上调或下调2倍以上）分别有1035个和1210个。这些差异表达的基因集中于与物质运输、胁迫响应以及代谢过程，分子结构活性等方面。鉴定出干旱胁迫下差异表达的（专一性）响应基因40个。通过对沙冬青转录因子的分析，还发现沙冬青包含50个转录因子家族，1575个转录因子。在叶片中7个转录因子表达量上升，50个下降；在根中有11上升，33个下降。

2、关键词

主题关键词：植被,沙冬青,生理指标  
学科关键词：陆地表层  
地点关键词：黑河流域  
时间关键词：2012

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：4326

3.文件大小：1.02MB

4.数据格式：PDF

4、空间范围

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| - | 北：38.62545 | - |
| 西：103.10507 | - | 东：103.10507 |
| - | 南：38.62545 | - |

5、时间范围2018-11-19 10:48:30+00:00--2018-11-19 10:48:30+00:00

6、引用方式

数据的引用:

苏彦华. 沙冬青干旱胁迫响应的转录组学特征. 时空三极环境大数据平台, DOI:10.3972/heihe.096.2013.db, CSTR:18406.11.heihe.096.2013.db, 2016.[SU Yanhua. Drought-response transcriptome of ammopiptanthus mongolicus. A Big Earth Data Platform for Three Poles, DOI:10.3972/heihe.096.2013.db, CSTR:18406.11.heihe.096.2013.db, 2016]

文章的引用:

7、资助项目信息

干旱环境下植物水分利用特征及其适应水分胁迫的分子机制研究

8、数据资源提供者

姓名: 苏彦华  
单位: 中国科学院南京土壤研究所  
电子邮件: yhsu@issas.ac.cn