时空三极环境大数据平台

**青藏高原高山植物小垫柳基因组组装数据集（2019）**

英文标题：Genome Assembly of Alpine Species Salix Brachista on the Tibetan Plateau (2019)

1、摘要

本数据集来源于论文：Chen, J.\*#, Huang, Y.\*#, Brachi, B.\*#, Yun, Q.\*#, Zhang, W., Lu, W., Li, H., Li, W., Sun, X., Wang, G., He, J., Zhou, Z., Chen, K., Ji, Y., Shi, M., Sun, W., Yang, Y.\*, Zhang, R.#, Abbott, R. J.\*, & Sun, H.\* (2019). Genome-wide analysis of Cushion willow provides insights into alpine plant divergence in a biodiversity hotspot. Nature Communications, 10(1), 5230. doi:10.1038/s41467-019-13128-y.  
本数据集包含青藏高原高山植物小垫柳Fasta格式的基因组组装文件，包括核苷酸（DNA）、核糖核酸（RNA）、蛋白质编码序列（Protein）序列数据，以及gff格式的基因组组装注释文件。  
组装等级：染色体级别  
基因组覆盖程度：全基因组  
参考基因组：是  
组装方法：SMARTdenovo 1.0; CANU 1.3  
测序方法及测序深度： PacBio, 125×; Illumina Hiseq X Ten, 43×; Oxford Nanopore Technologies, 74×  
基因组组装统计：  
基因组大小（bp）：339,587,529  
GC含量：34.15%  
染色体数量：19  
细胞器基因组数量：2  
基因组组装序列数量：30  
最大组装序列长度（bp）：39,688,537  
最小组装序列长度（bp）：57,080  
平均组装序列长度（bp）：11,319,584  
基因组组装序列N50（bp）：17,922,059  
基因组组装序列N90（bp）：13,388,179  
全基因组组装注释：  
Protein：30,209  
tRNA：784  
rRNA：118  
ncRNA：671  
详细的注释信息请参见附件。  
本数据集中也包含文章中Supplementary Information中的表格数据，数据列表参见附件。  
基因组项目号为：GWHAAAA00000000（https://bigd.big.ac.cn/gwh/Assembly/663/show）。

2、关键词

主题关键词：植被,基因组学  
学科关键词：陆地表层  
地点关键词：青藏高原  
时间关键词：2019

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：

3.文件大小：136.93MB

4.数据格式：None

4、空间范围

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| - | 北：30.71 | - |
| 西：95.69 | - | 东：103.17 |
| - | 南：26.15 | - |

5、时间范围2019-01-16 08:00:00+00:00--2020-01-15 19:59:59+00:00

6、引用方式

数据的引用:

陈家辉, 杨永平, Richard John Abbott, 孙航. 青藏高原高山植物小垫柳基因组组装数据集（2019）. 时空三极环境大数据平台, DOI:10.11888/Ecolo.tpdc.270908, CSTR:18406.11.Ecolo.tpdc.270908, 2020.[Richard John Abbott, YANG Yongping, CHEN Jiahui, SUN Hang. Genome Assembly of Alpine Species Salix Brachista on the Tibetan Plateau (2019). A Big Earth Data Platform for Three Poles, DOI:10.11888/Ecolo.tpdc.270908, CSTR:18406.11.Ecolo.tpdc.270908, 2020]

文章的引用:

Chen, J., Huang, Y., Brachi, B., Yun, Q., Zhang, W., Lu, W., Li, H., Li, W., Sun, X., Wang, G., He, J., Zhou, Z., Chen, K., Ji, Y., Shi, M., Sun, W., Yang, Y., Zhang, R., Abbott, R. J., & Sun, H. (2019). Genome-wide analysis of Cushion willow provides insights into alpine plant divergence in a biodiversity hotspot. Nature Communications, 10(1), 5230. doi:10.1038/s41467-019-13128-y

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(XDA20000000)

8、数据资源提供者

姓名: 陈家辉  
单位: 中国科学院昆明植物研究所  
电子邮件: chenjh@mail.kib.ac.cn  
  
姓名: 杨永平  
单位: 中国科学院昆明植物研究所  
电子邮件: yangyp@mail.kib.ac.cn  
  
姓名: Richard John Abbott  
单位: 圣安德鲁斯大学  
电子邮件: rja@st-andrews.ac.uk  
  
姓名: 孙航  
单位: 中国科学院昆明植物研究所  
电子邮件: sunhang@mail.kib.ac.cn