时空三极环境大数据平台

**植物de novo基因组数据（2019）**

英文标题：Genomic data of plant de novo (2019)

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，对青海省囊谦县的蔓菁自交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。同时，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：生物资源  
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2018-06-07 08:00:00+00:00--2019-01-06 19:59:59+00:00

6、引用方式

数据的引用:

段元文. 植物de novo基因组数据（2019）. 时空三极环境大数据平台, 2020.[DUAN Yuanwen. Genomic data of plant de novo (2019). A Big Earth Data Platform for Three Poles, 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(XDA20000000)

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