数字黑河

**黑河流域典型荒漠植物沙冬青染色体的核型分析、基因组DNA纯化及基因组大小预测（2013）**

英文标题：Karyotype analysis, genomic DNA purification and genome size prediction of Ammopiptanthus mongolica, a typical desert plant in Heihe River basin (2013)

1、摘要

背景：此数据汇交属于“黑河流域生态-水文过程集成研究”重大研究计划重点项目“黑河流域典型荒漠植物耐旱机理的基因组学研究”的第一次数据汇交。 本重点项目的主要研究目标是以典型荒漠植物沙冬青为材料，利用目前国际上先进的新一代基因测序技术对沙冬青的全基因组序列及基因转录组序列进行解码，从而发掘与抗旱相关的基因和基因群组，并用转基因技术在模式植物中验证其抗旱性。  
  
过程、内容： 由于基因组测序需要专门测序仪器，工程浩大、过程复杂（主要有基因组文库构建、测序、数据分析及基因组组装等程序），因此需要由专业测序公司完成。在与测序公司接触后，我们了解到在对一未知基因组进行测序前，需要先对其基因组的大小和复杂度进行预测，这是设计测序方案和策略的必要前提。因此我们在2013 年主要对沙冬青的染色体组成、基因组大小和复杂度进行了预测，并成功建立了其基因组DNA的提取纯化方法。结果表明沙冬青植物为2倍体，基因组由9条染色组成（2倍体18条），基因组大小为1.07G。对基因组DNA的质量检测结果表明，所得DNA复合测序要求，已送往测序公司建库、测序，现正在进行中。另外，为了获得大量、均一的植物材料，我们对其愈伤组织的诱导进行了探讨，也获得了成功。由于这些原因，我们未能够按项目原计划在本年度完成沙冬青基因组测序，并提交有关数据，主要是我们之前没有将基因组预测的内容计算在内。  
  
数据使用说明：本年度所得有关沙冬青倍性、染色体核型组成以及基因组大小的数据，对后续基因组测序奠定了必要基础，为测序方案的设计和经费预算提供了重要科学依据。而对其愈伤组织诱导的成功，为后续转录组测序和抗旱机理研究的实验提供了高质量的材料保障，也无需每次到植物原生长地取材，同时也是对沙冬青植物细胞学和生理学研究的新贡献。

2、关键词

主题关键词：沙漠/荒漠,植被,基因组学,荒漠生态系统  
学科关键词：陆地表层  
地点关键词：黑河流域  
时间关键词：2013

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：None

3.文件大小：5.4MB

4.数据格式：word

4、空间范围

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| - | 北：43.3 | - |
| 西：96.1 | - | 东：104.2 |
| - | 南：37.7 | - |

5、时间范围2012-01-09 05:55:00+00:00--2014-01-08 05:55:00+00:00

6、引用方式

数据的引用:

何军贤. 黑河流域典型荒漠植物沙冬青染色体的核型分析、基因组DNA纯化及基因组大小预测（2013）DOI:10.3972/heihe.005.2014.db, CSTR:18406.11.heihe.005.2014.db, 2014.[HE Junxian. Karyotype analysis, genomic DNA purification and genome size prediction of Ammopiptanthus mongolica, a typical desert plant in Heihe River basin (2013)DOI:10.3972/heihe.005.2014.db, CSTR:18406.11.heihe.005.2014.db, 2014]

文章的引用:

7、资助项目信息

黑河流域典型荒漠植物耐旱机理的基因组学研究(91125027)

8、数据资源提供者

姓名: 何军贤  
单位: 香港中文大学深圳研究院  
电子邮件: jxhe@cuhk.edu.hk