



南科大翟继先团队发布包含两万多拟南芥公共RNA-seq文库的生物大数据在线分析平台

2020年08月14日 [科研新闻](#) 浏览量： 1231

近日，南方科技大学生物系副教授翟继先课题组发布可以方便快捷查询超过两万个公共RNA-seq文库的在线资源，相关成果以“A comprehensive online database for exploring ~20,000 public Arabidopsis RNA-Seq libraries”为题发表在植物学领域知名学术期刊《分子植物》（*Molecular Plant*）。

[返回](#)

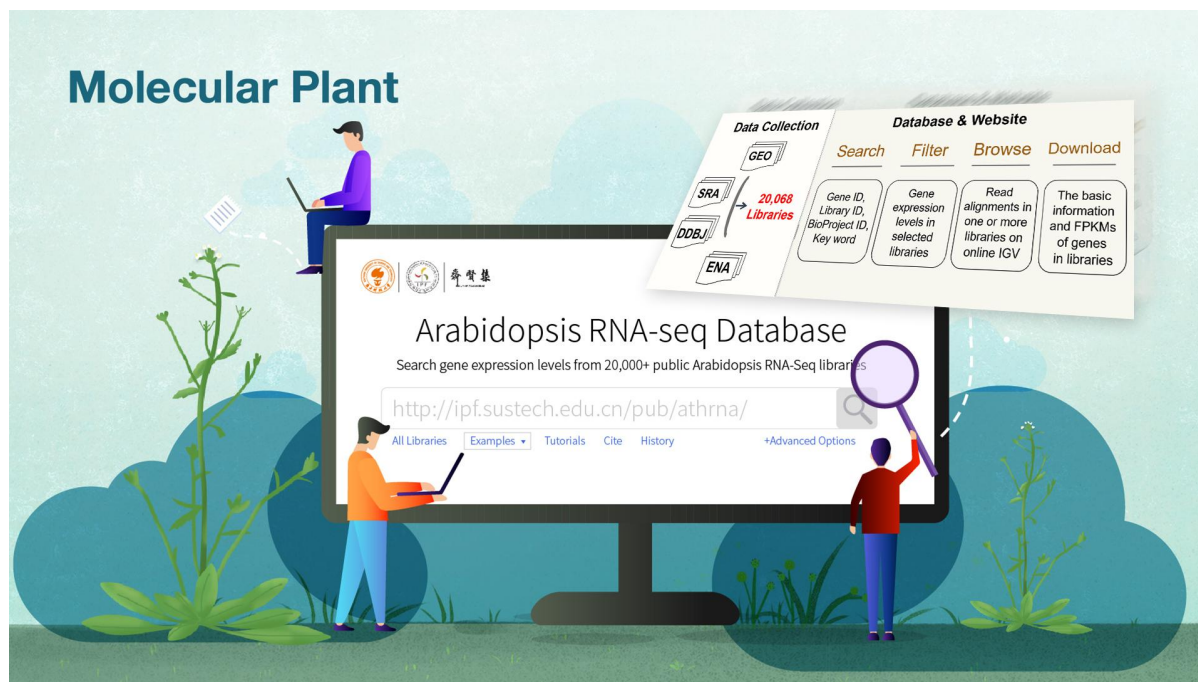
最新动态

[南科大李贵新课题组在非线性超构表面
兹辐射源领域取得进展](#)

近日，南科大材料系副教授李贵新课题组和特拉维夫大学教授Tal Ellenbogen课题组等，在非线性超构表面太赫兹辐射源领域取得重要进展。

[南科大王峻岭在有机-无机杂化压电材料
面取得突破](#)

近日，南方科技大学物理系讲席教授王峻岭



过去十年，随着测序成本的降低和文库构建方法的发展，RNA-seq已成为继microarray之后研究基因表达的黄金标准。到目前为止，公共数据库释放的拟南芥相关的RNA-seq文库数目已经超过20000个。这些海量数据资源对研究基因的转录调控、组织特异性、胁迫处理以及不同发育阶段的基因表达是十分宝贵的资源。然而，如何高效地利用如此庞大的高通量测序数据资源，对于研究者来说是一个巨大的挑战，特别是在缺少编程基础的实验人员或者计算资源短缺的研究团队使用时。

翟继先课题组此次发布的数据库（Arabidopsis RNA-seq database, ARS）整合了来自GEO、SRA、ENA和DDBJ数据库的20,068个拟南芥RNA-seq数据，提供了“Google-style”在线查询工具。该研究对所有文库进行了基因表达水平定量和共表达网络分析，并将所有文库进行分类，总共涉及1176个突变体、1102种处理条件、12个组织和176个发育时期，同时也对突变体和处理条件分别同对应的对照组进行差异表达分析。

理工大学教授范红金团队合作在压电材料领域取得重要进展

热点阅读

查看更多

南科大李闯创团队实现罕见高张力天然的首次全合成

近日，南方科技大学化学系教授李闯创团队在知名化学期刊《美国化学会志》发表论文，首次实现了具有罕见高张力的、合成难度大的复杂天然产物的全合成。

南科大学者李婉秋在Nature刊文揭示N⁶-甲基腺苷家族蛋白甲基化核小体H3K36的分子机制

2020年12月24日，南科大学者李婉秋携手香港科技大学教授王占新团队、纪念斯隆-凯瑟琳癌症中心教授Dinshaw J. Patel团队和斯坦福大学

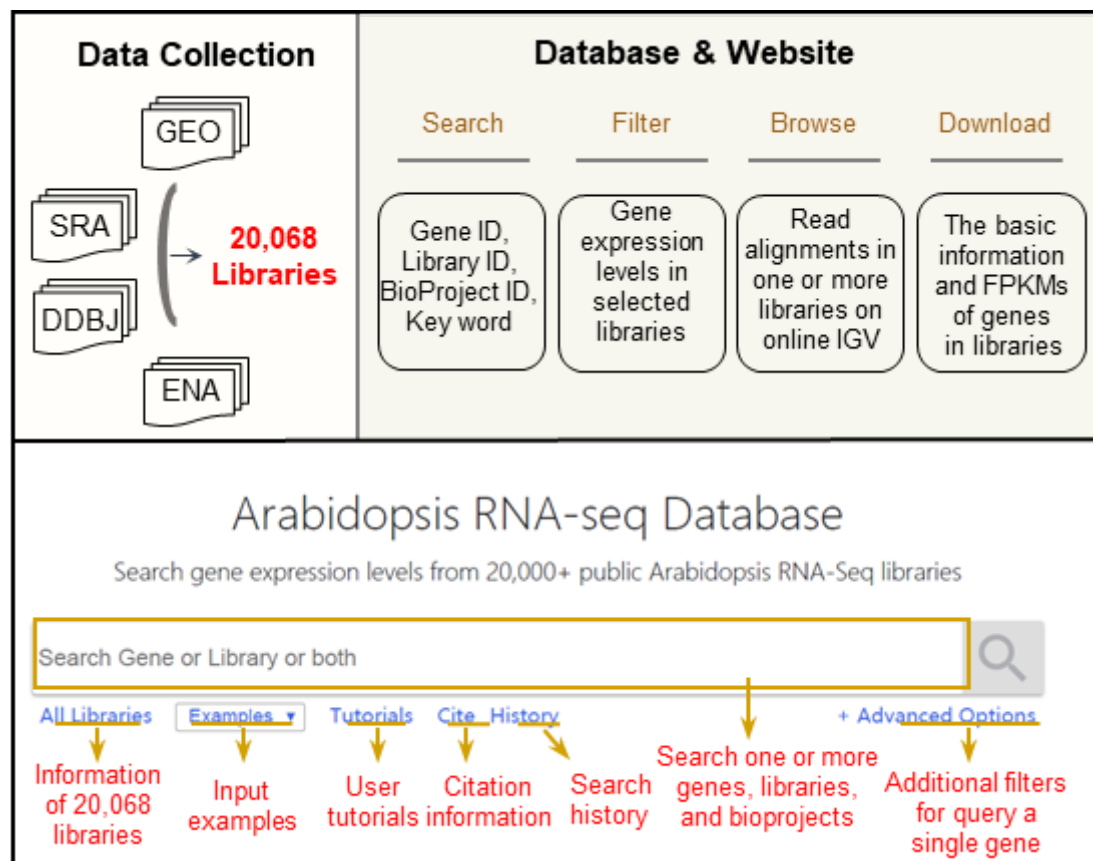


图1: 网页数据集与功能说明 (上图) , 网站首页及部分button说明 (下图)

为提高实验人员搜索海量数据的效率, ARS不仅支持基因的搜索, 同时还提供文库、项目编号、关键字以及任意不同组合的查询方式。ARS具有快速查找基因表达量、组织特异性、突变体和处理响应的功能, 并以多种图表返回搜索结果, 同时支持下载搜索结果。用户可根据自己的需求在搜索前和搜索后对表格结果进行过滤, 在画图区域单击获取相应文库的信息。此外, 网站设置了online基因组浏览器 (IGV) , 实验人员可更加便捷地查看每个文库的详细比对情况。为便于研究者之间快捷分享最新搜索结果, ARS提供了网页共享功能, 并定期更新文库资源, 研究者可通过共享按钮来共享相关搜索结果。

Pollen-specific example (*LAT52*)

Water-deficient marker example (*RD20*)

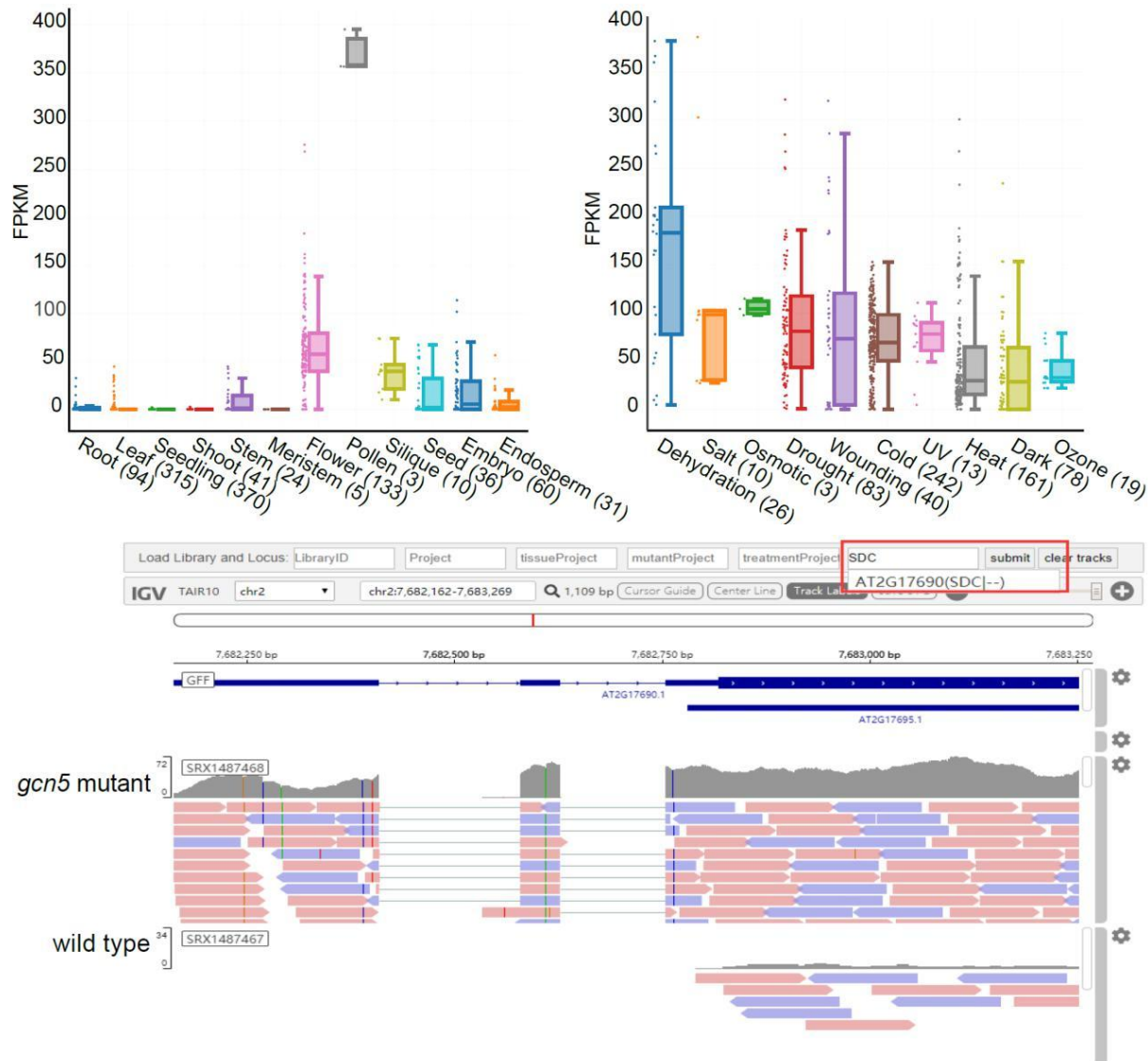


图2: 基因表达量结果展示 (上图), IGV查看序列比对情况 (下图)

课题组研究助理张洪、研究助理张飞、博士研究生于义滨为论文共同第一作者，翟继先为该论文的通讯作者，南科大为唯一通讯单位。生物系讲席教授郭红卫和研究助理教授李博生参与了本研究的部分工作。该研究

得到了国家自然科学基金委员会、广东省创新创业团队、深圳市科技创新委员会的资助。

论文链接：[https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(20\)30257-4](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(20)30257-4)

供稿：生物系
通讯员：付文卿
编辑：杨旻彦
主图设计：丘妍



新闻网

新闻中心

搜索

相关链接

官方网站

学校概况

院系设置

师资概况

