



新闻 频道

校园快讯 人才培养 科学研究 学术交流 社会服务 青春 光影 网视 悦读

华农人物 狮山时评 媒体华农 南湖视点 电子校报

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

我校学者发布“油菜界的TAIR”——BnIR（油菜多组学数据库）

2023-03-21 17:09 杨植全 我要评论 0 扫描到手持设备 字号: T T

核心提示：近日，我校信息学院杨庆勇教授课题组在国际学术期刊Molecular Plant上发表题为“BnIR: a multi-omics database with various tools for Brassica napus research and breeding”的研究成果。

南湖新闻网讯（通讯员 杨植全）近日，我校信息学院杨庆勇教授课题组在国际学术期刊Molecular Plant上发表题为“BnIR: a multi-omics database with various tools for Brassica napus research and breeding”的研究成果。该研究搜集并整合了甘蓝型油菜基因组、转录组、变异组、表观遗传、表型组和代谢组等6种组学数据，并构建出首个综合性的油菜多组学数据库—BnIR，为油菜遗传育种研究提供了重要的数据资源和分析平台（图1）。

Molecular Plant

Available online 14 March 2023



In Press, Journal Pre-proof What's this? »

Research article

BnIR: a multi-omics database with various tools for Brassica napus research and breeding

Zhiqian Yang^{1,2,3}†, Shengbo Wang^{1,2}†, Lulu Wei^{1,2}, Yiming Huang^{1,2}, Dongxu Liu^{1,2}, Yupeng Jia^{1,2}, Chengfang Luo^{1,2}, Yuchen Lin^{1,2}, Congyuan Liang^{1,2}, Yue Hu^{1,2}, Cheng Dai¹, Liang Guo¹, Yongming Zhou¹, Qing-Yong Yang^{1,2}

图1

油菜作为世界上最重要的油料作物之一，是人类食用植物油和饲用蛋白的主要来源。近年来，越来越多的高通量组学技术被应用于油菜研究，油菜多组学数据大量积累。首先，油菜多组学数据规模的激增，对数据存储、检索和分析提出了更高的要求。其次，不同来源、不同组学、不同平台产生的生物大数据具有显著的异质性，目前尚缺乏相对高效的整合和挖掘方法。因此，油菜领域迫切需要一个类似TAIR的、能够支撑和服务油菜生物学研究的综合性数据库。

为解决这些问题，研究者利用生物信息团队在数据整合和深度分析的经验 and 优势，以前期发布的BnPIR、BnTIR以及BnVIR数据库为基础，进一步搜集了近年来新发布的多组学数据集，并进行了统一过滤、处理和分析，最终构建出目前最为系统和全面的油菜多组学数据库-BnIR（图2）。在该研究中，研究者共搜集了29个甘蓝型油菜以及近

今日推荐

- 告别过去 拥抱未来：2023狮山欢乐节如约而至
- 李召虎在2023狮山欢乐节上的新年致辞
- 李健讯：数学塑造了我，我要用数学改变世界
- 10年坚守，乡村教育振兴之花在武陵山区绽放
- 奋力逐梦 温情助梦：2023年研考与爱同行
- 致返乡学子家长朋友们的一封信



新闻排行 浏览 评论

- 【作重30年】激扬梦想 追求卓越：作物遗传改
- 我校17项科技成果获2022年度湖北省科学技术
- 我国科学家揭示作物主效耐碱基因可大幅提高盐
- 全国高校“一站式”学生社区建设工作推进会现
- 我校在全球绿地土壤污染研究方面取得新进展
- 【新闻特写】“一桥”飞架粳梗，天堑变通途
- 副省长吴海涛来校调研农业科技创新工作
- 【作重30年】作物遗传改良全国重点实验室成立
- 公共管理学院：培养具有公共精神的行政管理专
- 【作重30年】第三届全国植物光生物学大会在校

推荐图片

【新闻特写】元宵佳节闹元宵

2022年下半年“狮子山杯”系列赛

缘物种的基因组、2791个油菜组织样本的转录组、2311个样本的群体遗传变异数据、118个表型、266个代谢物含量以及多种表观基因组学数据（包括DNA甲基化、组蛋白修饰、染色质可及性和染色质交互强度等）组成的公共多组学数据。在BnIR数据库中，研究者不仅整合并升级了BnPIR、BnTIR和BnVIR数据库中的功能，而且基于不同组学数据的特征开发出多个新功能，以方便用户更加有针对性地进行查询和浏览（图3）。此外，基于群体多组学数据，研究者利用全基因组关联分析、表达数量性状位点定位、孟德尔随机化和共定位分析等多种分析策略，对不同组学数据进行了关联与整合。相关数据及结果已上传至数据库的多组学模块，以方便用户进行快速检索、分析和利用。此外，BnIR数据库还集成了18种在线分析工具，包括序列比对（BLAST、MSA）、富集分析（GO、KEGG）、关联分析（GWAS、TWAS、eQTL等）、共定位分析（COLOC）、孟德尔随机化分析（SMR）、遗传相似性分析、ePCR、引物设计等。最后研究者以种子硫苷含量和含油量为例，系统地阐述了BnIR在解析遗传变异位点对基因表达和表型影响方面的应用，展现了BnIR在挖掘重要变异、探索变异作用机制方面的价值和潜力（图4）。



告别过去 拥抱未来：
2023狮山欢



直击：2022年毕业典礼暨学位授予

推荐视频

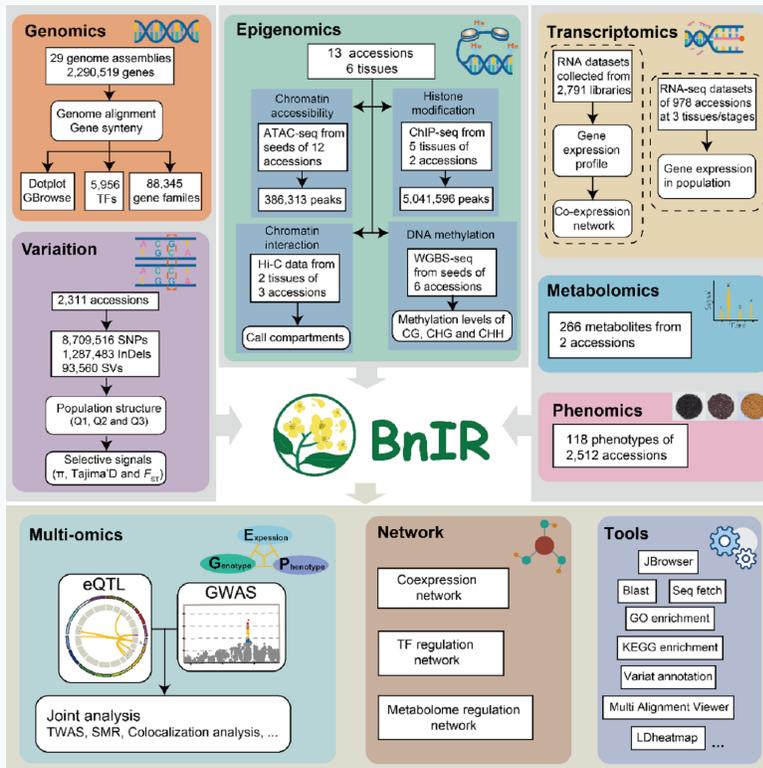


图2 油菜多组学数据库BnIR的构建流程和功能

A Upgrade and integration of BnPIR, BnTIR and BnVIR

BnIR		
Data source	Portal	Improved function
BnPIR 9 genome assemblies	Genome	+20 genome assemblies. Totally, 2,290,519 genes; 88,423 gene index; 21,508 gene clusters; 179 gene families; 58 TF families Optimized user experience and response speed New function: Gene search, Gene family, Gene cluster, Transcription factor.
BnTIR 91 RNA-seq libraries	Transcriptome	+2,700 RNA-seq libraries, including 192 from ZS11 at 7 hormone treatments, 345 from ZS11 at 6 abiotic stress treatments and 978 from population-level accessions of 3 tissues and 1,185 from other studies Greatly improved response speed of eFP (9.348 s to 0.0611 s) New function: Meta-library, Population expression, eFP (multi-gene module).
BnVIR 2,311 accessions 10,090,561 variations 21 phenotypes	Population, Variation, Phenotype, Multiomics	+97 phenotypes of 2,512 accessions New function: Phenotype search, eQTL, TWAS, SMR, Colocalization analysis.

New Portal	New dataset	Function description
Epigenome	99 ChIP-seq libraries; 8 ATAC-seq libraries; 12 WGBS-seq libraries; 3 Hi-C libraries	Searching the peaks of ChIP-seq and ATAC-seq, the CG, CHG and CHH methylation levels, Hi-C contact frequencies and features; Browse epigenetic signals in Jbrowser
Metabolome	266 metabolites of 2 accessions	Searching metabolite contents
Multiomics	GWAS, eQTL, TWAS, SMR and colocalization analysis results using 55 phenotypes of 2,311 accessions	Browse the signals of GWAS, eQTL, TWAS, SMR and colocalization analysis results

B Comparison of BnIR with the published *B. napus* database

Database	Major function						
BnIR	Genome information, gene expression, epigenetic signal, metabolite content, phenotype, multi-omics association information, analysis and visualization tools.						
BrassicaEDB	Comprehensive gene expression profile information and a user-friendly visualization interface.						
BnaSNPDB	An interactive web-based platform and set of analytic tools for efficient retrieve and analysis of SNPs among 1,007 accessions.						
BnaGVD	A large number of variations and search tools for accelerating studies on the functional genomics and the screening of molecular markers.						

Database	Genome	Transcriptome (meta-library)	Transcriptome (population)	Epigenome	Variation	Phenotype	Metabolome
Unit	genome assemblies	libraries	libraries	libraries	accessions	phenotypes	metabolites
BnIR	29	2,791	978	128	2,311	118	544
BrassicaEDB	1	837	-	-	-	-	-
BnaSNPDB	-	-	-	-	1,007	-	-
BnaGVD	3	-	-	-	1,007	10	-

Database	Variation-Phenotype	Variation-Expression	Network analysis	Association analysis
BnIR	√	√	√	GWAS, eQTL, TWAS, SMR, colocalization analysis
BrassicaEDB	-	-	-	-
BnaSNPDB	-	-	-	-
BnaGVD	-	-	-	GWAS

图3 油菜多组学数据库BnIR的新特征和新功能

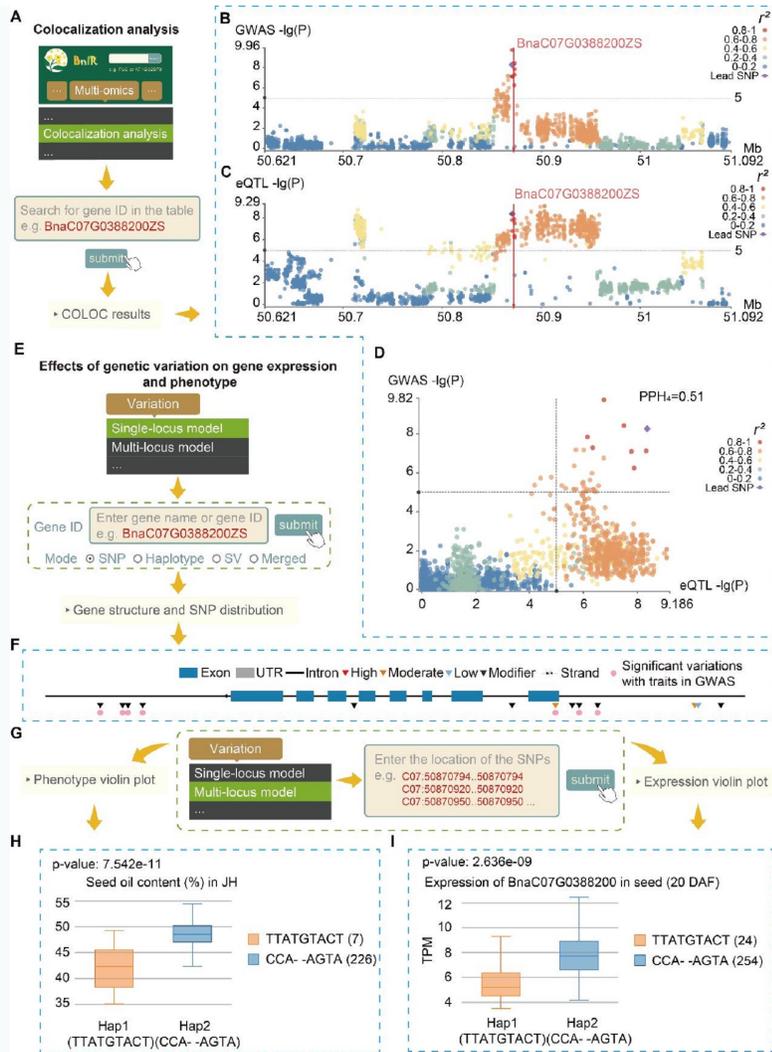


图4 使用BnIR鉴定与种子含油量相关的新基因的应用案例

与其他现有的数据库相比，BnIR是首个综合性的油菜多组学数据库，其不仅容纳了迄今为止最丰富的多种组学数据，还整合和开发了多个组学数据搜索和分析工具，可以帮助研究者快速获取并分析相关信息（图3），为油菜研究者提供了“一站式”的数据检索、获取和挖掘服务。

我校信息学院杨庆勇教授为论文通讯作者，信息学院已毕业博士生杨植全（现广州大学博士后），硕士生王升博为论文并列第一作者。我校油菜团队周永明教授、郭亮教授对本项研究提供了指导。该项研究得到国家自然科学基金（32070559）、国家重点研发计划（2021YFF1000100）、中国博士后基金（2022M710875）和海南省崖州湾种子实验室生物信息学开发平台（JBGS-B21HJ0001）、湖北省洪山实验室（2021HSZD004）等项目的资助。

审核人：杨庆勇

BnIR数据库链接：<http://yanglab.hzau.edu.cn/BnIR>

BnIR使用示例：<http://yanglab.hzau.edu.cn/BnIR/tutorial>

原文链接：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.03.007>

责任编辑：蒋朝常 曹钟允

[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

CopyRight 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有：华中农业大学

网站运营：党委宣传部(新闻中心)