

[网站首页](#)[院所概况](#)[新闻资讯](#)[科研进展](#)[科技服务](#)[人才队伍](#)[科技平台](#)[党建文化](#)[联系我们](#)[网站首页](#) > [科研进展](#) > [论文专著](#)[科研进展](#)[获奖成果](#)[育成品种](#)[知识产权](#)[论文专著](#)[合作交流](#)[机构设置](#)[智慧普法](#)[电子图书馆](#)[预决算公开](#)

高通量测序技术对早熟棉中miRNA的鉴定与分析

作者: 董章辉 朱青竹 赵丽芬 睦书祥 李增书 张艳丽 王虎 郭永召 姚则羊 赵国忠 审核: 上传: 来源: 发布时间: 2020-08-19

摘要: 棉花中miRNA的数量仍较少,miRNA在棉花早熟发育中的作用有待证明和揭示。为丰富棉花中miRNA的数量,同时,为揭示miRNA在早熟棉发育中的作用,以早熟棉花品种石早1和中熟棉花品种冀棉958为材料,利用高通量测序技术构建了2个小RNA文库,鉴定新的miRNA,比较早熟棉花和中熟棉花中miRNA表达的差异、特点。结果共鉴定到131个miRNA,包括41个不同家族的64个已知miRNA和67个新的miRNA;新miRNA中,54个miRNA属于已知miRNA家族,13个miRNA属于新的miRNA家族。比较2个品种中miRNA表达的差异,共发现39个miRNA在2个品种中的表达差异超过2倍,占总miRNA数的29.8%,主要为中低量表达的miRNA。15个高表达miRNA中,只有miR398家族的ghr₂1在2个品种中的表达差异超过2倍(达到3.4倍);比较相同家族的不同miRNA在两品种中的表达差异,发现相同家族的miRNA在2个品种中表达差异可以不同,推测有不同的生物学功能。揭示了miRNA在早熟棉发育过程中,对其早熟性具有重要作用,为进一步研究miRN... [更多](#)

基金: 国家棉花产业技术体系(CARS-15-27); 河北省科技计划项目(16226303D-2); 河北省现代农业产业技术体系(HBCT2018040206);

关键词: 棉花; miRNA; 高通量测序; 早熟;

分类号: S562

文内图片:

石早1和冀棉958中小RNA序列长度分布

差异表达超过2倍的新的miRNA

小RNA序列染色体分布

高表达miRNA reads分布

miRNA表达差异分布

差异表达超过2倍的已知miRNA

下载地址: [https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?](https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?dbcode=CJFQ&dbname=CJFDLAST2020&filename=HBNB2019S1003&uid=WEEvREcwSIJHSlDTTEYzWEpEZktjY241K2Jo)

dbcode=CJFQ&dbname=CJFDLAST2020&filename=HBNB2019S1003&uid=WEEvREcwSIJHSlDTTEYzWEpEZktjY241K2Jo'

