时空三极环境大数据平台

**主要家养动物基因组重测序数据（2020）**

英文标题：Genome re sequencing data of major domestic animals (2020)

1、摘要

为描述青藏高原及周边地区（泛第三极地区）主要驯化动物遗传多样性的分布格局，厘清其相关遗传背景。2020年我们对201个全球家鸡血液、组织等DNA组织样品提取总DNA后建库并做全基因组测序，同时下载已公布家鸡基因组数据一共863个家鸡基因组开展群体分析，为探索泛第三极地区家鸡驯化、迁徙、扩张等群体历史事件提供基础数据，并进一步探讨驯化动物对干燥等恶劣环境的适应机理提供资料。本数据集相关文章已发表，本数据集内所有数据提供fastq,bam,vcf,snp文件在线下载。

2、关键词

主题关键词：生物资源,家养动物
学科关键词：人地关系
地点关键词：泛第三极地区
时间关键词：2020

3、数据细节

1.比例尺：None

2.投影：

3.文件大小：1.0MB

4.数据格式：None

4、空间范围

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| - | 北：43.3 | - |
| 西：89.53 | - | 东：104.22 |
| - | 南：31.34 | - |

5、时间范围2019-12-31 16:00:00+00:00--2020-12-31 03:59:59+00:00

6、引用方式

数据的引用:

彭旻晟. 主要家养动物基因组重测序数据（2020）. 时空三极环境大数据平台, DOI:10.1038/s41422-020-0349-y, CSTR:, 2020.[PENG Minsheng. Genome re sequencing data of major domestic animals (2020). A Big Earth Data Platform for Three Poles, DOI:10.1038/s41422-020-0349-y, CSTR:, 2020]

文章的引用:

Wang, M.S., Thakur, M., Peng, M.S., Jiang, Y., Frantz, L.A.F., Li, M., Zhang, J.J., Wang, S., Peters, J., Otecko, N.O., Suwannapoom, C., Guo, X., Zheng, Z.Q., Esmailizadeh, A., Hirimuthugoda, N.Y., Ashari, H., Suladari, S., Zein, M.S.A., Kusza, S., Sohrabi, S., Kharrati-Koopaee, H., Shen, Q.K., Zeng, L., Yang, M.M., Wu, Y.J., Yang, X.Y., Lu, X.M., Jia, X.Z., Nie, Q.H., Lamont, S.J., Lasagna, E., Ceccobelli, S., Gunwardana, H., Senasige, T.M., Feng, S.H., Si, J.F., Zhang, H., Jin, J.Q., Li, M.L., Liu, Y.H., Chen, H.M., Ma, C., Dai, S.S., Bhuiyan, A., Khan, M.S., Silva, G., Le, T.T., Mwai, O.A., Ibrahim, M.N.M., Supple, M., Shapiro, B., Hanotte, O., Zhang, G., Larson, G., Han, J.L., Wu, D.D., Zhang, Y.P. (2020). 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. Cell Res. doi: 10.1038/s41422-020-0349-y.

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
第二次青藏高原综合科学考察研究

8、数据资源提供者

姓名: 彭旻晟
单位: 中国科学院昆明动物研究所
电子邮件: pengminsheng@mail.kiz.ac.cn