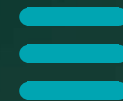


# 红麻CMS的转录组比较分析及 SF3基因的功能研究

汇报人：

2024-01-14



contents

# 目录

- 引言
- 红麻CMS转录组比较分析
- SF3基因功能研究
- 红麻CMS与SF3基因关联性分析
- 结论与展望

# 01 引言





# 研究背景和意义

L 0 -1458.11z"/>  
s.749 -1420.56 713.685 -1420.86 713 -1422.11zM 1567 -1382.11C 1567.9  
78 -1379.89 553.722 -1379.83 553.667 -1379.78zM 1571 -1380.11L 1571  
L 1485 -1371.11L 1485 -1372.11L 1509 -1372.11C 1503.97 -1374.22 148  
C 1490.49 -1373.79 1489.69 -1373.94 1488 -1374.11zM 1509 -1373.11L  
73.02 1528 -1373.11z"/>  
.11C 1536.23 -1372.89 1534.96 -1373.02 1533 -1373.11z"/>  
11C 1541.23 -1372.89 1539.96 -1373.02 1538 -1373.11z"/>  
1.11C 1498.53 -1373.41 1490.9 -1372.11 1485 -1372.11z"/>  
0.11C 1507.27 -1372.15 1505.27 -1371.86 1502 -1371.11z"/>  
71.11C 1512.23 -1371.89 1510.96 -1372.02 1509 -1372.11z"/>  
71.11C 1525.28 -1373.09 1519.09 -1372.11 1514 -1372.11z"/>  
-1368.67 1531.45 -1368.74 1536 -1371.11C 1531.76 -1372.84 1526.55 -1  
372.11C 1540.08 -1372.1 1536.42 -1372.53 1534 -1369.11z"/>  
1371.11C 1550.84 -1372.44 1547.41 -1372.11 1544 -1372.11z"/>  
1370.11C 1490.75 -1370.8 1490.45 -1370.86 1489 -1371.11zM 1497 -137  
-1370.11C 1518.3 -1371.66 1513.98 -1371.11 1510 -1371.11z"/>  
-1370.11C 1540.49 -1370.79 1539.69 -1370.94 1538 -1371.11zM 1544 -1  
8.06 -1369.62 1549.14 -1369.16 1551 -1368.11L 1554 -1370.11C 1551.3  
0 -1369.11C 1488.23 -1369.89 1486.96 -1370.02 1485 -1370.11z"/>  
07 -1369.11C 1502.03 -1371.2 1495.36 -1370.11 1490 -1370.11z"/>  
528 -1368.11C 1521.7 -1371.14 1513.83 -1370.11 1507 -1370.11z"/>  
39 1552.22 -1368.33 1552.67 -1368.78C 1552.72 -1368.83 1552.78 -136  
510 -1368.11C 1508.75 -1368.8 1508.45 -1368.86 1507 -1369.11z"/>  
1514 -1368.11C 1512.49 -1368.79 1511.69 -1368.94 1510 -1369.11z"/>  
532 -1368.11C 1530.49 -1368.79 1529.69 -1368.94 1528 -1369.11z"/>  
8.33 1533.28 -1368.39 1533.33 -1368.44C 1533.78 -1368.89 1532.72 -13  
1547 -1368.11C 1543.84 -1369.44 1540.41 -1369.11 1537 -1369.11z"/>  
1526 -1367.11C 1524.23 -1367.89 1522.96 -1368.02 1521 -1368.11zM 1  
1L 1551 -1367.11C 1549.49 -1367.79 1548.69 -1367.94 1547 -1368.11z"  
1L 1558 -1232.11L 1558 -1234.11L 1556 -1234.11zM 1578 -1229.11L 157  
5 1554.84 -1224.08 1554 -1226.11zM 1485 -1225.11C 1485.08 -1222.47

## 红麻CMS转录组研究现状

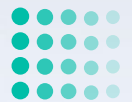
红麻是一种重要的经济作物，其CMS（细胞质雄性不育）特性对于杂种优势的利用具有重要意义。然而，目前对于红麻CMS的转录组研究相对较少，限制了对其不育机理的深入理解。

## SF3基因在植物生长发育中的作用

SF3基因是一种转录因子，广泛参与植物的生长发育过程，包括花器官发育、育性转换等。在多种植物中，SF3基因的表达与育性密切相关，因此研究其在红麻CMS中的作用具有重要意义。







# 研究目的和内容



- 研究目的：本研究旨在通过比较红麻CMS系及其保持系的转录组差异，揭示CMS不育的分子机理，并深入探究SF3基因在红麻CMS中的功能。





# 研究目的和内容



## 研究内容

利用高通量测序技术，对红麻CMS系及其保持系进行转录组测序，获得全面的基因表达谱数据。



对转录组数据进行差异表达分析，筛选出在CMS系和保持系中显著差异表达的基因，并进行功能注释和富集分析。



## 研究目的和内容



通过生物信息学方法，预测SF3基因可能互作的蛋白和参与的调控网络，揭示其在红麻CMS中的调控机制。

利用遗传学方法，构建SF3基因的超表达和敲除载体，转化红麻植株，观察表型变化并检测相关生理指标，验证SF3基因在红麻CMS中的功能。

02

## 红麻CMS转录组比较分析







# 材料与amp;方法

## ● 实验材料

选用红麻CMS系及其保持系为实验材料，进行转录组测序。

## ● 测序方法

采用Illumina高通量测序平台，对红麻CMS系和保持系的叶片组织进行转录组测序。

## ● 数据分析

使用生物信息学方法对测序数据进行质量评估、序列组装、基因注释等分析。





# 转录组测序结果

## 测序数据质量

经过质量评估，测序数据质量良好，可用于后续分析。



## 序列组装结果

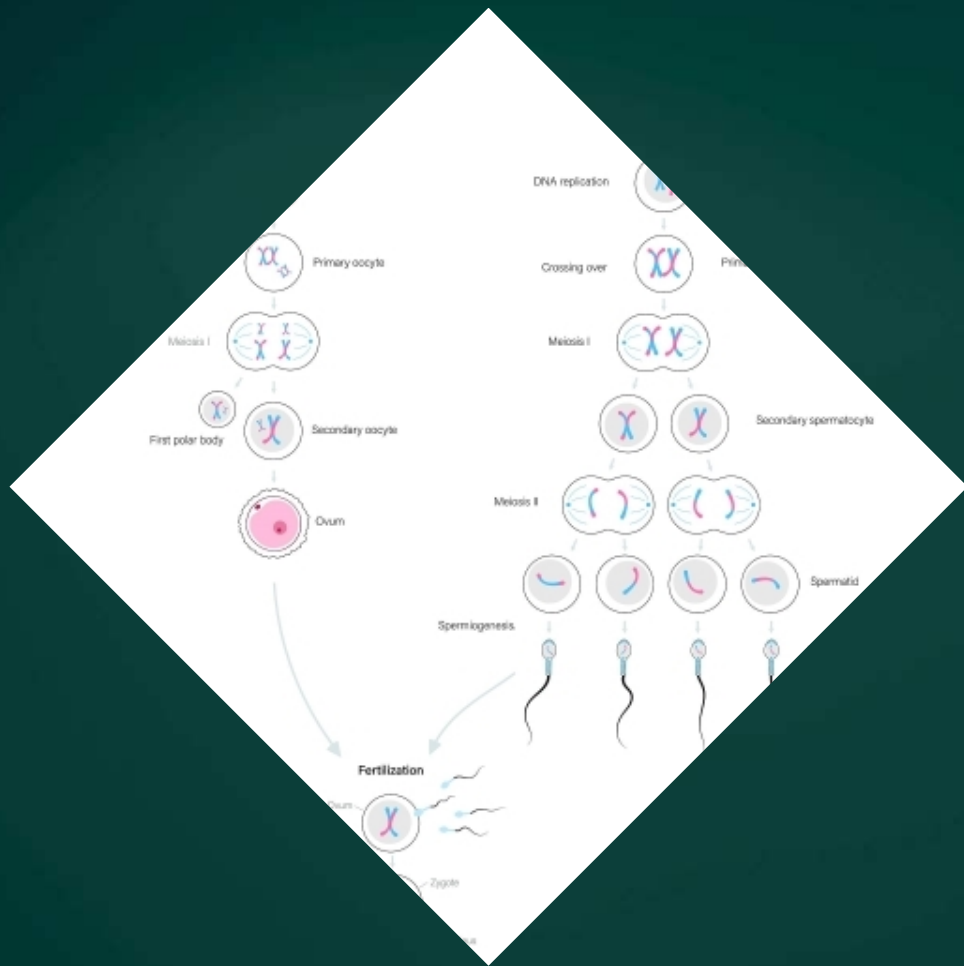
使用Trinity软件对测序数据进行组装，得到大量的转录本序列。

## 基因注释结果

将组装得到的转录本序列与公共数据库进行比对，获得基因注释信息。



# 基因表达差异分析



## 表达量统计

使用RSEM软件对基因表达量进行统计，得到每个基因在红麻CMS系和保持系中的表达量。

## 差异表达分析

采用DESeq2软件对基因表达量进行差异分析，筛选出差异表达基因。

## 差异表达基因聚类分析

对差异表达基因进行聚类分析，发现不同基因在红麻CMS系和保持系中的表达模式。



# 差异表达基因功能注释

## ● GO功能注释

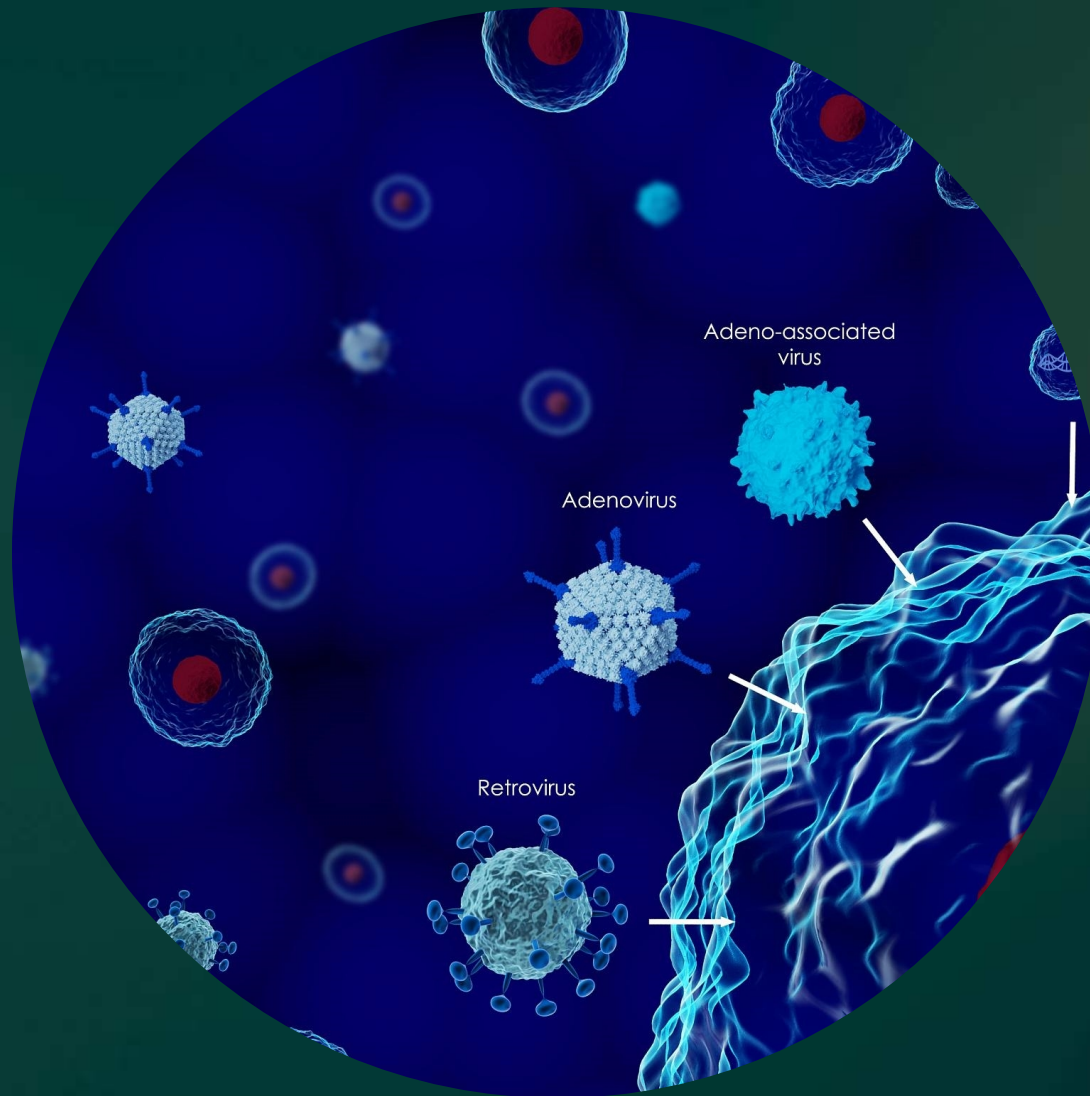
对差异表达基因进行GO功能注释，了解这些基因参与的生物过程、细胞组分和分子功能。

## ● KEGG通路注释

将差异表达基因映射到KEGG通路中，揭示这些基因在代谢途径和信号转导等方面的作用。

## ● 转录因子预测

预测差异表达基因中的转录因子，了解这些基因在转录调控中的作用。



以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：  
<https://d.book118.com/415222343201011232>