



位置: [首页](#) > [新闻动态](#) > [科研进展](#)

 [搜索](#)

王秀杰课题组开发完成小分子RNA高通量测序数据整合分析软件ISRNA

高通量测序技术的普及带来测序数据的高速增加,但分析工具的发展却远远跟不上研究的需要。目前大多数高通量测序数据分析工具的用户对象是具备一定数据分析能力的研究人员,大量的数据分析任务仍然落在少数生物信息实验室上,严重阻碍了整个研究领域的发展。功能更强大、使用更方便的生物信息分析工具亟待开发。为满足广大研究人员的需求,中国科学院遗传与发育生物学研究所王秀杰课题组的研究人员开发了一套在线的小分子RNA高通量测序数据整合分析软件ISRNA。该软件提供了对高通量测序数据获得的短序列进行查找、分析、比较等可视化流程分析,能够帮助研究者高效准确地从海量数据中寻找有价值的信息,为系统研究小分子RNA提供了极大的便利。ISRNA可以快速地将短序列定位到基因组上,并统计分析基因组位置、长度分布和碱基组成倾向性等序列基本情况。ISRNA还能分析短序列与已知microRNA、其他种类的小分子RNA和编码基因的对应情况,预测短序列边基因组区域的二级结构,查找短序列形成的小分子RNA簇等。此外,ISRNA提供了强大的搜索功能,用户可以根据序列组成、表达丰度、基因组位置和编码基因等内容检索目标信息,还可以对不同的数据集进行比较。通过整合基因组可视化工具,ISRNA对大多数分析结果提供了图形化展示。ISRNA的网址为<http://omicslab.genetics.ac.cn/ISRNA/>。

该研究于2013年12月3日在线发表于Bioinformatics杂志上 (<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/cgi/content/abstract/btt678?ijkey=NO2lq6xMZDfDbz5&keytype=ref>)。王秀杰研究组的骆观正博士为论文第一作者。该项研究得到了科技部和中国科学院的经费资助。