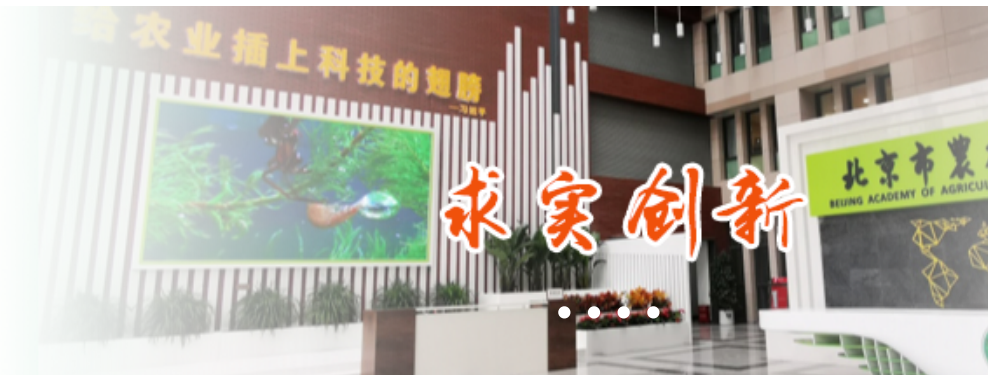




# 北京市农林科学院

Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences



[首页](#)

[本院概况](#)

[新闻中心](#)

[科研创新](#)

[科技服务](#)

[人才队伍](#)

[合作交流](#)

[党建文明](#)

[专题专栏](#)



当前位置: [首页](#) > [新闻中心](#) > [科研动态](#)

## 生物中心在生物信息学领域权威期刊发表综述文章

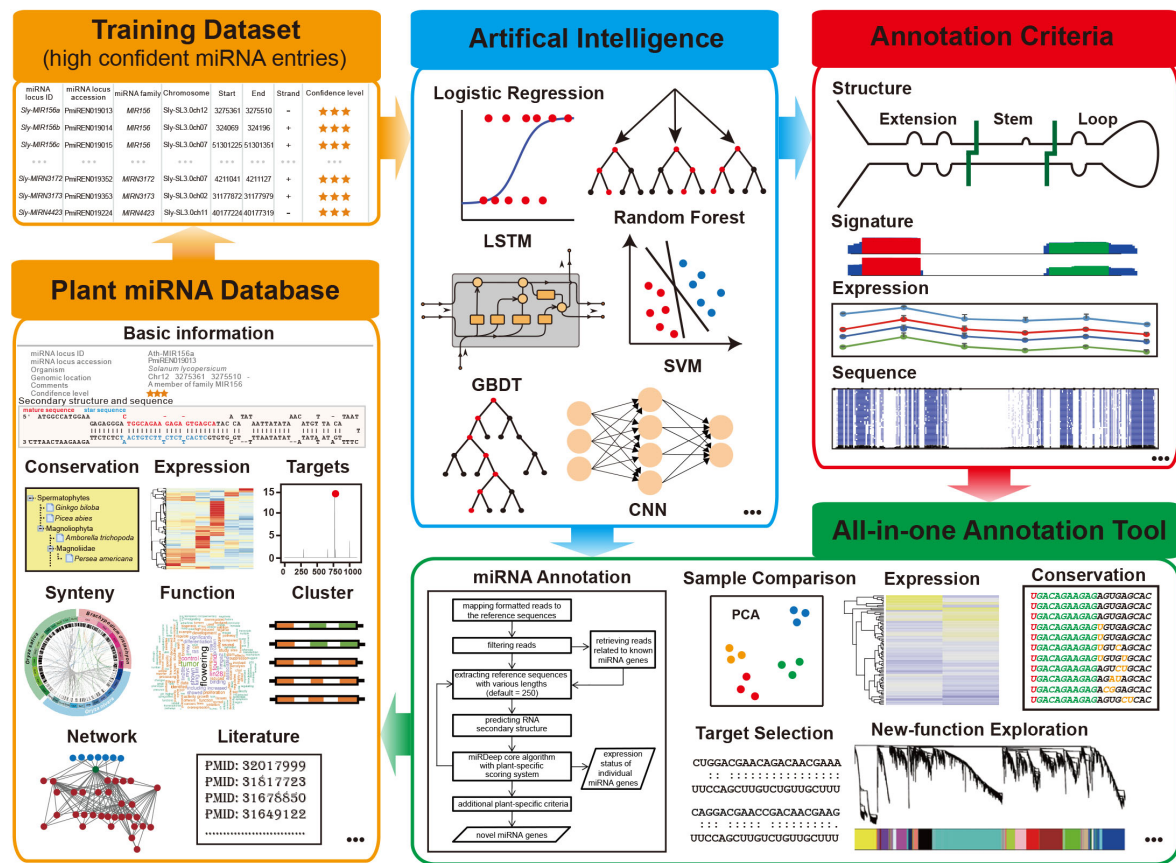
时间: 2021-03-29

来源: 我院

浏览量: 337

栏目: 科研动态

【字体: [减小](#) [增大](#)】



近日，生物中心杨效曾研究员团队在生物信息学领域权威期刊Briefings in Bioinformatics (中科院分区1区，影响因子8.99，doi:10.1093/bib/bbab075) 上发表了题为“MicroRNA annotation in plants: current status forbid challenges”的综述文章。miRNA是一类广泛参与植物生长发育与环境应激等几乎所有生命活动的非编码小RNA，其研究对作物改良也具有重要意义。对miRNA的精准鉴定和注释是发现新miRNA或新功能的第一步。文章系统综述了植物miRNA鉴定和注释研究领域的前沿进展，展望了发展趋势及面临的挑战。首先，文章指出了该领域面临的主要问题是，由于植物miRNA前体序列长度变异大、家族成员多等特征加大了准确注释二级结构和家族成员的难度和复杂性。其次，该文章详解了研究团队自己最新开发的、目前国际上具有比较优势的miRNA预测软件—miRDeep-P2。接着，文章提出了现行miRNA注释信息的标准，包括含前体序列、成熟序列、二级结构等在内的基本信息，以及预测和实验相结合的靶基因数据的获得，还有在omics时代能够获得的表达信息、共线性等结果。最后，建设性地提出了构建一站式植物miRNA注释平台构想，立足大数据时代，在前期植物miRNA丰富注释信息收集和研究的基础上，引入机器学习和

人工智能 (AI) 方法, 综合分析高置信度的数据集, 构建一套更加精准、灵敏的植物miRNA注释标准, 开发不仅可以预测和注释miRNA, 还可以分析miRNA功能、表达、保守性等更精准的miRNA注释工具, 继而形成一个高质量的植物miRNA数据库。该数据库又反过来为该平台提供详实、准确数据集, 形成一个具有不断自我学习能力的植物miRNA综合研究平台。

生物中心赵永欣助理研究员、博士生匡正为本文共同第一作者。该项目得到了北京市农林科学院基因组育种协同创新中心, 创新能力建设项目-基于组学的基因编辑技术创新平台构建-和院青年基金等项目的资助。杨效曾团队 (<http://srnaworld.com/>) 多年来关注植物miRNA研究, 其成果先后发表在Nucleic Acids Research, Bioinformatics, Genomics Proteomics & Bioinformatics等国际知名期刊上。



版权所有: 北京市农林科学院

技术支持: 北京市农林科学院信息技术研究中心

联系地址: 北京市海淀区曙光花园中路11号农科大厦A座

备案号/经营许可号: 京ICP备13038350号-1



北京市农林科学院公众号