

Comprehensive review and assessment of computational methods for predicting RNA post-transcriptional modification sites from RNA sequences

期刊名称

Briefings in Bioinformatics

发表年份

2020

全部作者

访问统计

491

添加时间

2021年09月18日

论文简介：对27种预测N1 -甲基腺苷和N6 -甲基腺苷位点的最先进方法的全面综述，涵盖了对开发成功预测器至关重要的各种重要方面，包括数据集质量、操作算法、序列和基因组特征、特征选择、模型性能评估和软件效用。同时提出了一种基于深度学习技术的计算方法DeepPromise，用于同时预测N1 -甲基腺苷和N6 -甲基腺苷。开发了一个web服务器，该服务器可以接受RNA序列和基因组序列，以预测两种假定的RNA修饰位点。

原文链接：<https://academic.oup.com/bib/article-abstract/21/5/1676/5622701?redirectedFrom=fulltext>

打印本页

网站地图 | 联系我们 |



中国农业科学院棉花研究所 豫ICP备12016946号-1 地址：河南省安阳市黄河大道38号 邮编：455000

Tel: (0372)2562200 E-mail: mianhuasuo@caas.cn 豫公网安备41050202000117号

技术支持：中国农业科学院农业信息研究所



TOP