



遗传发育所开发完成植物小分子RNA整合分析软件psRobot

文章来源: 遗传与发育生物学研究所

发布时间: 2012-06-25

【字号: 小 中 大】

植物小分子RNA主要包括microRNA和小干扰RNA,在基因的转录和转录后调控过程中具有重要作用。第二代测序技术的逐渐成熟和广泛应用极大地推动了小分子RNA相关研究的发展,对不同组织和材料中的小分子RNA进行深度测序已成为研究小分子RNA的常规手段。因此,针对这些数据的生物信息学分析成为了研究者们面临的日益突出的问题。

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整合分析软件psRobot。该软件仅需要用户提交小分子RNA的成熟体序列,就可以借助多种预存的高通量数据系统的鉴定这些小分子RNA是否为microRNA(或具有发夹结构前体的小RNA)以及它们的靶基因情况。该在线工具主要分为两个功能模块,第一个功能模块提供与小分子RNA本身相关的信息,包括小分子RNA在参考基因组上的定位以及茎环结构的位置、在不同小分子RNA合成蛋白突变体或AGO结合实验中的表达水平等。用户可以基于上述分析结果来判断小分子RNA的产生与作用过程。第二个功能模块进行小分子RNA的靶基因预测,提供包括参考序列库中的所有靶基因位点列表、靶位点的多重性、靶位点的保守性以及降解组数据等生物实验数据信息。通过以上工具用户可以方便地获得所分析的小分子RNA的产生过程、作用机制以及具有的生物学功能等信息,为系统地研究小分子RNA的功能提供了极大的便利。PsRobot的网址为: <http://omicslab.genetics.ac.cn/psRobot/>。

该研究在线发表于英国生物信息学期刊《核酸研究》(*Nucleic Acids Research*) (DOI:10.1093/nar/gks554)上。王秀杰课题组的博士生吴华君和马英克为论文共同第一作者。

该项研究得到了国家自然科学基金,中科院和农业部项目等的经费资助。

打印本页

关闭本页