
北京基因组所等发布全转录组关联研究知识库

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20688.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

北京基因组所等发布全转录组关联研究知识库

。近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）国家基因组科学数据中心（NGDC）与中国医学科学院医学信息研究所开发的全转录组关联研究知识库正式上线。相关研究成果以TWAS Atlas: a curated knowledgebase of transcriptome-wide association studies为题，在线发表在Nucleic Acids Research上。

全转录组关联研究（Transcriptome-Wide Association Study，TWAS）技术的兴起，为探索人类复杂性状或疾病相关的关键基因提供了有效手段。近年来，国内外大规模TWAS研究陆续开展，相关数据也呈现逐年增长趋势，亟需相应的标准化整合、挖掘及可视化分析。为应对这一需求，科研人员开发了[TWAS Atlas](#)知识库系统，为基因-性状关联知识的创建和挖掘提供重要参考。

TWAS Atlas为用户提供多渠道的数据浏览、检索和下载等功能。目前，TWAS Atlas 1.0版本共计整合来自200篇TWAS研究的分析数据，通过人工审编获得401,266条高质量的人类基因-性状关联条目，涉及257种性状，22,247个基因及135种组织类型，并同步收集研究相关元数据和注释信息。此外，通过系统整合基因-性状关联信息与来自GTEx数据库的SNP-基因关联信息，数据库从头构建了综合性的交互式SNP-基因-性状关联知识图谱，实现了多疾病、多组织、多组学层次关联调控关系的在线解析和可视化，可为相关研究人员的个性化研究提供可靠参考和有益信息。

研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、国家重点研发计划、中科院青年创新促进会等的支持。

[论文链接](#)

TWAS Atlas关联知识图谱分析示例，分别以上皮性卵巢癌（A）、上皮癌卵巢癌相关基因MAPT（B）以及上皮性卵巢癌与帕金森病共享基因（C）为中心。

研究团队单位：北京基因组研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发