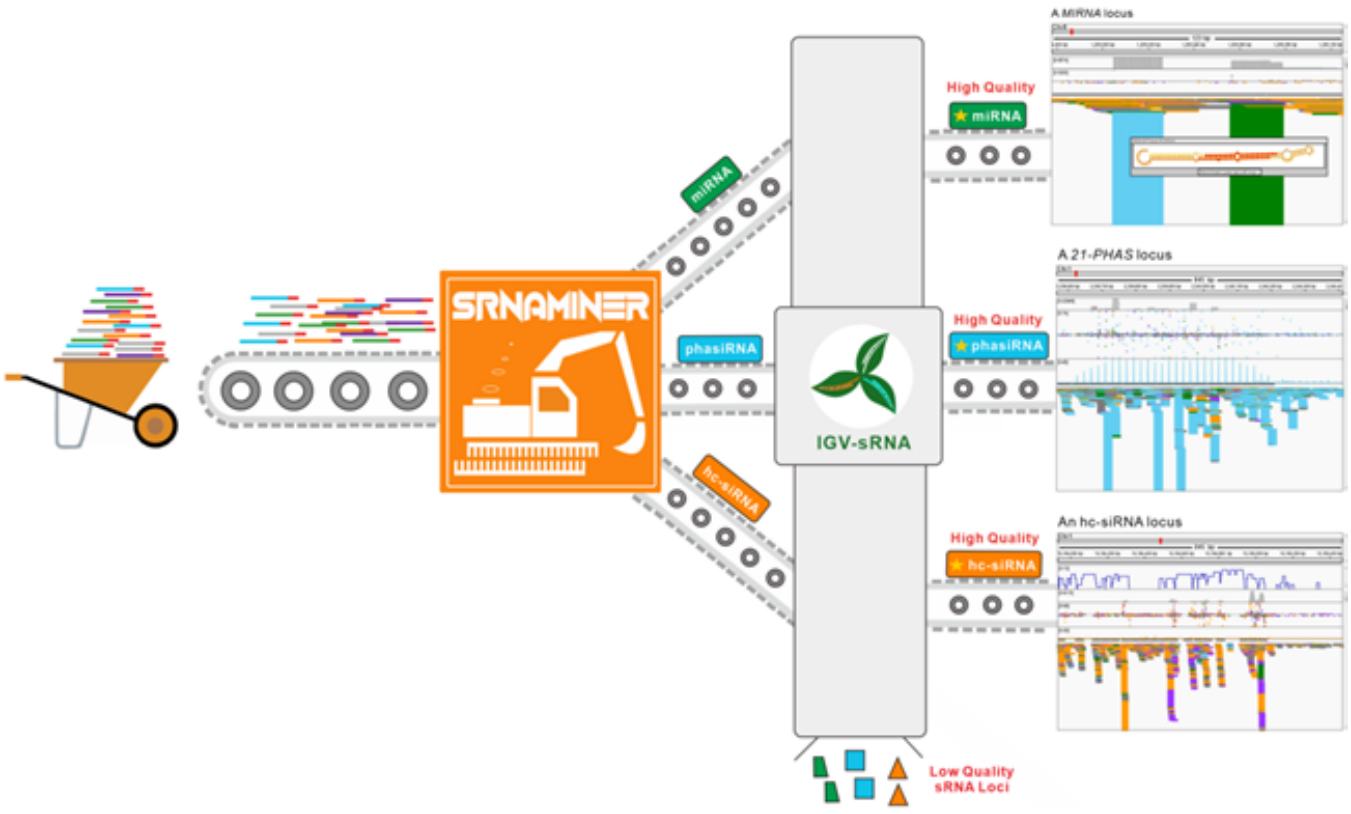
科学家开发一款多功能植物小RNA分析工具

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/25634.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！

科学家开发一款多功能植物小RNA分析工具。近日，《科学通报》在线发表了华南农业大学园艺学院教授夏瑞团队最新研究成果，他们研究开发出一款多功能植物小RNA分析工具——sRNA miner，可便于研究人员进行一站式小RNA分析及可视化。



sRNAminer软件整体功能概览。课题组供图

据介绍，植物小RNA是植物生长发育和营养繁殖过程的重要调控分子。目前已有的分析工具多数依赖于命令行环境，且功能较单一，无法有效支持研究人员对植物小RNA生物功能的深度探索。

该团队开发的sRNAminer包含了常用的植物小RNA数据分析功能。其功能主要分为四大部分：一是数据预处理，包括接头去除，数据去冗余，去除目标外的非编码RNA和质体污染以及读段回帖；二是植物三种主要类型小RNA的鉴定与表达量计算；三是包括小RNA靶位点预测、介导PH

AS位点产生的小RNA trigger预测、降解组测序数据分析等常用的功能；四是小RNA位点可视化。其中，sRNAminer的IGV-sRNA模块让用户能够针对相应类型的小RNA的特征对小RNA位点进行快速人工检查。

为保证用户能够以最快最简单的方式进行小RNA分析，sRNAminer提供了一键化分析功能。用户只需要输入小RNA测序文件、基因组文件以及软件配备的非编码RNA和质体基因组数据库，点击Start按钮，软件便会自动解析数据，对数据进行预处理，将读段回贴到基因组，然后进行小RNA鉴定，最终在较短时间内即可得到miRNA、phasiRNA和hc-siRNA的鉴定结果及其表达量。为满足不同应用场景，sRNAminer兼具界面化和命令行版本。

为了更客观地评价不同软件的表现，研究人员经过比较分析和人工检查构建了一个高标准的黄金MIRNA和PHAS位点集合，用于评估sRNAminer与其他现有工具的性能；为了实现对小RNA注释结果的高效人工检查，研究人员基于基因组浏览器（IGV）开发了IGV-sRNA，并将其作为一个功能模块整合在sRNAminer里。IGV-sRNA可以呈现各种特异的小RNA特征，使研究人员能够更全面地理解小RNA数据。

sRNAminer同时支持高质量PHAS位点图批量自动绘制及RNA二级结构可视化。sRNAminer可以真正实现从分析数据到人工检查可视化结果再到高质量图表绘制的小RNA分析流程闭环。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.scib.2023.12.049

作者：夏瑞等 来源：《科学通报》

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转发