
大模型驱动的基因组环形可视化生成研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35338.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！

大模型驱动的基因组环形可视化生成研究获进展。

近日，中国科学院计算机网络信息中心科研团队研发出大模型驱动的基因组环形可视化智能生成框架AuraGenome。AuraGenome突破“人工-脚本-静态”传统范式，开创“自然语言-智能体-交互”新模式，能够将基因组数据快速转化为高质量、可交互的可视化结果，并支持全流程的可追溯与复用。

在急性髓系白血病染色体易位分析中，科研人员20分钟内即可完成结构变异与转录水平的可视化生成，发现并交互式标记了潜在生物标志物区域；在黑色素瘤突变图谱复现中，研究人员仅用7分钟便高保真再现了论文中的经典可交互的可视化结果。更多对比实验表明，相比于传统工具Circos，AuraGenome效率提升69%，准确率提升至89%，实现了“让科学家专注基因组数据而非工具本身”的转变。

相关研究成果发表在《IEEE计算机图示与应用》（IEEE Computer Graphics and Applications）上。研究工作得到中国科学院战略性先导科技专项（A类）支持。

大模型驱动的基因组环形可视化自动生成可视分析系统

研究团队单位：计算机网络信息中心

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](https://www.iikx.com)转发