北京生科院提出环形RNA内部序列结构可视化新方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8107.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！

1月18日，中国科学院北京生命科学研究院赵方庆团队于*Bioinformatics*杂志上在线刊发了题为*Visualization of circular RNAs and their internal splicing events from transcriptomic data*的研究。该研究主要开发了环形RNA的可视化工具——CIRI-vis软件，具有将CIRI-AS或CIRI-Full的输出结果可视化，且可以批量展示环形RNA上的读段信息与内部结构的优势。

环形RNA是一类广泛存在于真核生物中的非编码RNA分子，其独特的5’-3’反向剪接特征成为绝大多数环形RNA识别工具的靶点。随着算法的进步，对环形RNA的识别从反向剪接位点的识别发展到内部序列的识别，研究者们发现可变剪接现象在环形RNA中普遍存在。这个情况表明，环形RNA的分析应与线性RNA一样，需要将其内部的所有剪接产物的结构与相对丰度考虑在内。过去的研究只验证了少数环形RNA的功能，并且发现环形RNA的功能都与其独特的结构有关，这表明只有将环形RNA的分析提升到剪切产物结构的水平才能准确地预测环形RNA的功能。因此对环形RNA内部结构的直观展示将有利于研究者们筛选出有潜在功能的环形RNA剪接产物，推动环形RNA研究领域的发展。

CIRI-vis是赵方庆团队所开发的环形RNA预测流程——CIRI系列的一环，该方法用java语言编写，可以在安装有java虚拟机的平台上运行。其主要功能是将CIRI-AS与CIRI-Full所输出的文本文件进行归纳，将环形RNA上的读段信息进行重新整合后再将其进行图形化展示，储存在svg/pdf格式的文件中。它是首次将环形RNA进行细节展示的工具。当CIRI-vis对环形RNA进行细节展示时，其首先生成环形RNA所在区域的概况，包括测序覆盖度，已注释线性RNA外显子坐标和环形RNA外显子坐标；在主坐标下方，青绿色的柱状图代表了环形RNA读段的覆盖度；再下方的条带代表了读段的位置，曲线代表了内部的剪接事件；而最下方的环形图代表了可能存在的环形RNA剪接产物的结构并按相对丰度大小排序，环左上角的数字代表了其绝对表达量。

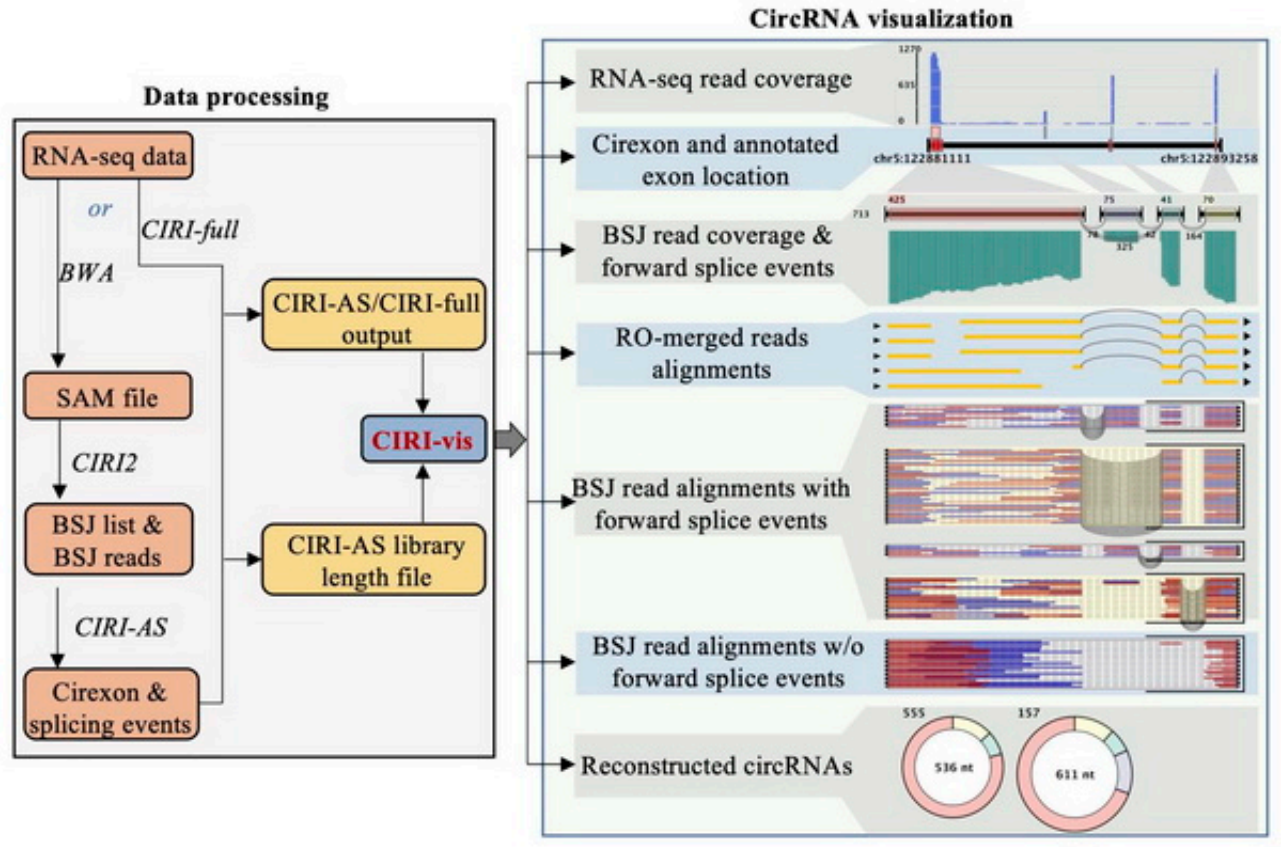
此外，CIRI-vis还支持多样本间的环形RNA比较。在输入指定的环形RNA反向剪接位点列表后，CIRI-vis会以简略图的方式把多个样本中该位点的环形RNA并列显示在左侧，然后将各个剪接产物的结构以及其相对表达量的柱状图显示在右侧。这种方式可以直观展示相同环形RNA在不同样本中的不同剪接方式，以及主要的剪接产物结构。

CIRI-vis是第一款可以在剪接产物层面上对环形RNA进行展示的软件。该软件不仅能够从细节上展现环形RNA的内部结构，同时还能比较不同样品之间剪接产物种类与丰度的异同。这些功能不仅有助于研究者理解他们研究的样品中环形RNA的构造，同时也可以以更高的分辨率筛选出

有功能的环形RNA。并且，得益于成熟的CIRI-Full流程，CIRI-vis所带来的环形RNA可视化功能不仅灵敏度高，且操作便捷，可视化界面简洁，对用户十分友好。因此，CIRI-vis将成为一款优秀的环形RNA辅助分析软件，对更高精度的环形转录组分析有重要意义。

该工作由赵方庆课题组博士郑毅完成，并得到科技部重点研发计划和国家自然科学基金委及中科院的经费支持。赵方庆团队在前期的工作中建立了环形RNA识别、转录本组装、可变剪接检测及定量等方法，相关工作发表在*Genome Biology* (2015)、*Nature Communications* (2016，2020)、*Briefings in Bioinformatics* (2017)、*Trends in Genetics* (2018)、*Genome Medicine* (2019)、*Cell Reports* (2019)和*Bioinformatics* (2020)。这些研究丰富了人们对环形RNA的组成及结构的认识，为深入了解这一崭新类型的非编码RNA分子奠定了方法学基础。

论文链接



CIRI-vis工作流程

研究团队单位：北京生命科学研究院

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