

# 申报 2024 年度陕西高等学校科学技术研究优秀成果公示内容

## 一、成果名称

RNA 组学数据的生物信息学分析方法研究与应用

## 二、成果简介

随着高通量测序技术的发展，RNA 组学数据的生成速度呈现出指数级增长。这些数据包含了丰富的信息，涉及基因表达、剪接变异、RNA 修饰等多个层面，对于理解基因调控网络、复杂性状遗传变异机制以及农业育种具有重要意义。然而，RNA 组学数据的复杂性和规模化给其分析与解释带来了挑战，因此需要有效的生物信息学分析方法来处理 and 解释这些数据。

聚焦以上科学问题，我们针对 RNA 组学数据的生物信息学分析方法展开了深入的研究。主要研究成果包括：

1. 算法开发与优化：我们基于机器学习、深度学习等技术，针对 RNA 测序数据的特点，提出了一系列高效的分析算法，包括转录本转换事件鉴定、新转录本挖掘、RNA 修饰预测、非编码 RNA 注释等方面的方法，提高了数据处理的准确性和效率。

2. 工具开发与平台构建：我们开发了一套综合的生物信息学分析工具集，集成了各种数据处理、分析、可视化等功能，提供了用户友好的操作界面和灵活的定制化选项，为科研人员提供了强大的分析平台。

3. 方法应用研究：我们将所开发的方法应用于真实的 RNA 组学数据分析中，涉及复杂性状预测、功能基因挖掘、表观转录组进化机制解析等多个领域，为农作物遗传育种提供了重要的理论和技术支撑。

基于以上成果，发表高水平研究论文 8 篇，其中有 2 篇论文曾被 ESI 收录为学科前 1% 高被引论文；获批登记软件著作权 2 项。

## 三、代表性论文专著或知识产权（标准规范等），总数不超过 10 项，其中代表性论文专著不超过 8 篇（部）

发表的 8 篇代表性论文如下：

1. Evolutionary implications of the RNA  $N^6$ -methyladenosine methylome in plants. Zhenyan Miao, Ting Zhang, Bin Xie, Yuhong Qi, Chuang Ma. Molecular Biology and Evolution, 2022, 39(1): msab299.

2. Interactive web-based annotation of plant MicroRNAs with iwa-miRNA. Ting Zhang, Jingjing Zhai, Xiaorong Zhang, Lei Ling, Menghan Li, Shang Xie, Minggui Song, Chuang Ma. Genomics, Proteomics and Bioinformatics, 2022, 20(3): 557-567.
3. deepEA: a containerized web server for interactive analysis of epitranscriptome sequencing data. Jingjing Zhai, Jie Song, Ting Zhang, Shang Xie, Chuang Ma. Plant Physiology, 2021, 185(1): 29-33.
4. Exploring transcriptional switches from pairwise, temporal and population RNA-Seq data using deepTS. Zhixu Qiu, Siyuan Chen, Yuhong Qi, Chunni Liu, Jingjing Zhai, Shang Xie, Chuang Ma. Briefings in Bioinformatics, 2021, 22(3): bbaa137.
5. Evolution of the RNA  $N^6$ -methyladenosine methylome mediated by genomic duplication. Zhenyan Miao, Ting Zhang, Yuhong Qi, Jie Song, Zhaoxue Han, Chuang Ma. Plant Physiology, 2020, 182(1): 345-360.
6. CAFU: a galaxy framework for exploring unmapped RNA-Seq data. Siyuan Chen, Chengzhi Ren, Jingjing Zhai, Jiantao Yu, Xuyang Zhao, Zelong Li, Ting Zhang, Wenlong Ma, Zhaoxue Han, Chuang Ma. Briefings in Bioinformatics, 2020, 21(2): 676-686.
7. PEA: an integrated R toolkit for plant epitranscriptome analysis. Jingjing Zhai, Jie Song, Qian Cheng, Yunjia Tang, Chuang Ma. Bioinformatics, 2018, 34(21): 3747-3749.
8. easyMF: A Web Platform for Matrix Factorization-Based Gene Discovery from Large-scale Transcriptome Data. Wenlong Ma, Siyuan Chen, Yuhong Qi, Minggui Song, Jingjing Zhai, Ting Zhang, Shang Xie, Guifeng Wang, Chuang Ma. Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences, 2022, 14(3): 746-758.

获批登记的 2 项软件著作权如下：

1. PEA: 植物表观转录组学数据整合分析软件，登记号: 2017SR658481
2. RAP: 基于机器学习技术的基因功能预测软件，登记号: 2016SR318029

#### 四、主要完成人情况

姓名	排名	行政/技术职称	工作单位/完成单位
马闯	1	院长/教授	西北农林科技大学
苗震龔	2	副教授	西北农林科技大学
齐玉红	3	无	西北农林科技大学

宋明桂	4	无	西北农林科技大学

## 五、主要完成单位

单位名称	排名
西北农林科技大学	1

## 六、完成人合作关系情况

完成人合作关系情况表					
序号	合作方式	合作者/项目排名	合作时间	合作成果	证明材料
1	论文合著	苗震龔/1 齐玉红/4 马闯/5	2018 年	Evolutionary implications of the RNA N6-methyladenosine methylome in plants	论文 1
2	论文合著	苗震龔/1 齐玉红/3 马闯/6	2018 年	Evolution of the RNA N 6-methyladenosine methylome mediated by genomic duplication	论文 5
3	论文合著	齐玉红/3 马闯/7	2019 年	Exploring transcriptional switches from pairwise, temporal and population RNA-Seq data using deepTS	论文 4
4	论文合著	宋明桂/7 马闯/8	2020 年	Interactive web-based annotation of plant MicroRNAs with iwa-miRNA	论文 2

5	论文合著	齐玉红/3 宋明桂/4 马闯/9	2020 年	<b>easyMF: A Web Platform for Matrix Factorization-Based Gene Discovery from Large-scale Transcriptome Data</b>	论文 8
---	------	------------------------	--------	---	------