

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Narzędzia statystyczne do pracy z danymi genomicznymi



Ostatnie postępy w metodach sekwencjonowania DNA i RNA całkowicie odmieniły genomikę, umożliwiając szybkie i tanie generowanie dużych ilości danych. Naukowcy korzystający z dofinansowania UE opracowali teraz narzędzia statystyczne umożliwiające analizowanie setek gigabajtów danych generowanych przy każdym przebiegu sekwencjonowania.

Postępy poczynione w drodze od pierwszego sekwencjonowania genomu człowieka do zbliżającej się wielkimi krokami ery medycyny genomicznej były możliwe dzięki technikom sekwencjonowania z dużą przepustowością (HTS). Metoda ta umożliwia szybkie sekwencjonowanie dużych odcinków par zasad DNA i RNA, obejmujących całe genomy. Wyodrębnianie znaczących sygnałów biologicznych z danych HTS wymaga jednak zaawansowanych narzędzi statystycznych o dużej wydajności obliczeniowej.

Za cel finansowanego ze środków UE projektu [RADIANT](#) (Rapid development and distribution of statistical tools for high-throughput sequencing data) przyjęto ulepszenie najpopularniejszych narzędzi analizy danych. Jego głównym założeniem było zintegrowanie pakietów oprogramowania opracowanych przez badaczy z Francji, Niemiec, Szwajcarii, Wielkiej Brytanii i Włoch w jedną platformę obliczeniową.

Jednym z nich jest napisana w języku Python biblioteka HTSeq, która dokonuje wstępnej obróbki danych z sekwencjonowania RNA pod kątem analizy różnicowej ekspresji genów. Pakiet DESeq2 udostępnia metody wykrywania różnicowo ekspresjonowanych genów przy użyciu uogólnionych modeli liniowych. Z kolei w pakiecie BitSeqVB implementowano bayesowską metodę wnioskowania na temat stężenia transkryptów RNA informacyjnego.

Badania prowadzone w ramach projektu RADIANT objęły wszystkie aspekty analizy danych HTS, od kontroli jakości do wizualizacji danych. Dla szeregu czasowego ekspresji genów zaproponowano hierarchiczne modelowanie bayesowskie umożliwiające uzupełnianie brakujących danych w sposób systematyczny, jak i losowy. Przeglądarka genomu RADIANT jest pierwszym narzędziem do wizualizacji danych dotyczących metylacji DNA.

Większość narzędzi zintegrowano w ramach platformy [Bioconductor](#), tworząc jednolite środowisko analizy, dokumentowania i dystrybucji danych HTS. Ogromna liczba pakietów dostępnych na platformie Bioconductor utrudnia jednak mniej doświadczonym użytkownikom rozwiązywanie konkretnych problemów. Opracowano zatem "ściągakę" dla początkujących, stanowiącą proste, a zarazem kompletne wprowadzenie do zagadnień analizy danych sekwencjonowania RNA.

Dzięki możliwości niezwykle dokładnego badania genomu człowieka techniki sekwencjonowania są obecnie stosowane praktycznie we wszystkich gałęziach badań biologicznych i medycznych. Nowo opracowane narzędzia projektu RADIANT przyczynią się do ugruntowania pozycji analizy danych HTS jako nieodzownego narzędzia naukowego. Przewidywane zastosowania mogą odmienić oblicze

badań genomicznych, otwierając drogę ku nieosiągalnym dotąd odkryciom.

Źródło: www.cordis.europa.eu

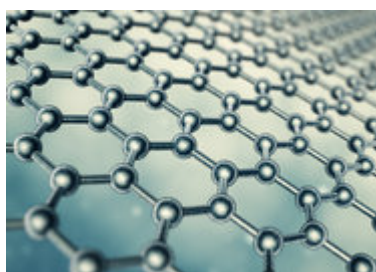
<http://laboratoria.net/aktualnosci/25734.html>



02-07-2024

Ekran dotykowy bez problematycznego indu

Tańsze i bardziej przyjazne środowisku.



02-07-2024

Świat atomów i cząsteczek

Jak dzięki różnym metodom obrazowania zobaczyć "całego słonia"



02-07-2024

Żyjemy w czasach multitożsamości

Ekspert o mediach społecznościowych.



02-07-2024

Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?

Równość płci może mieć związek ze swobodą wyboru tego, co się je.



02-07-2024

Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu

Alarmuje Światowa Organizacja Zdrowia.



02-07-2024

Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu

Informuje "Nature".



02-07-2024

Tancerze są mniej neurotyczni niż ogół populacji

Jednocześnie są bardziej ugodowi i ekstrawertyczni.



02-07-2024

Rząd planuje, aby minister mógł odwołać dyrektora NCBR

Dyrektor Narodowego Centrum Badań i Rozwoju będzie mógł zostać odwołany.

Informacje dnia: [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#) [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#) [Ekrany dotykowe bez problematycznego indu](#) [Świat atomów i cząsteczek](#) [Żyjemy w czasach multitożsamości](#) [Dlaczego Polki rzadziej jedzą mięso niż Polacy?](#) [Co 3 osoba dorosła zagrożona chorobami z powodu braku ruchu](#) [Cynk może pomóc chronić uprawy przed zmianami klimatu](#)

Partnerzy