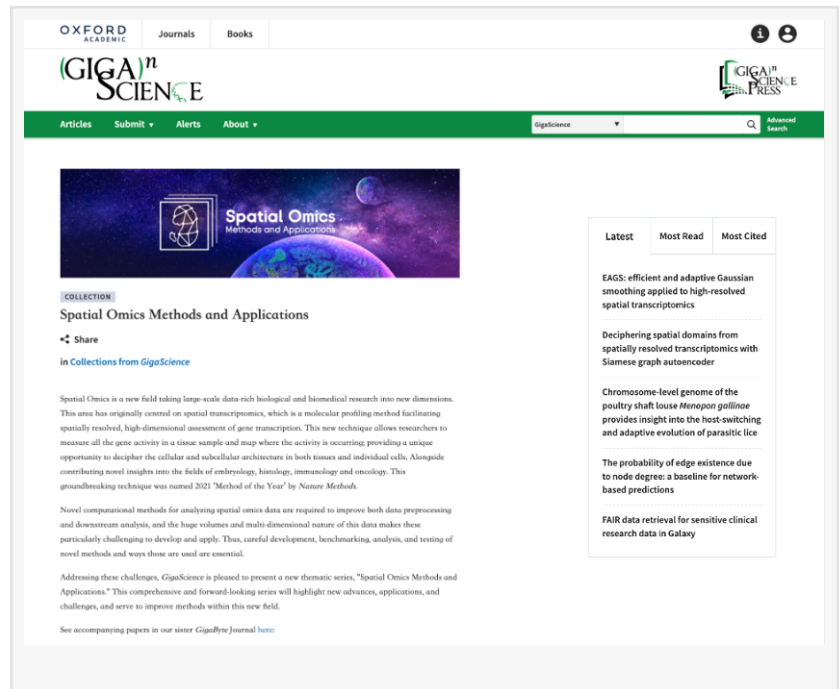


# BGI-Research präsentiert hochmoderne algorithmische Werkzeuge zur Unterstützung der räumlichen Transkriptomforschung

SHENZHEN, CHINA, March 7, 2024 /EINPresswire.com/ -- Am 20. Februar stellte BGI-Research eine neue Reihe von algorithmischen Werkzeugen vor, die die Analyse von räumlichen Transkriptomdaten (ST) verbessern und Forschern, die in der komplexen Welt der räumlichen Transkriptomik arbeiten, verfeinerte und zuverlässige Analyseergebnisse liefern sollen. Die erste Serie von sechs Werkzeugen, die eine wesentliche Verbesserung bei der Verarbeitung komplexer ST-Daten darstellen, wurde in GigaScience und GigaByte vorgestellt.



ST ist eine innovative Hochdurchsatz-Analyseverfahren, die RNA-Sequenzierung mit räumlichen Informationen aus Geweben kombiniert, um Transkriptome und ihre Lokalisierung in Geweben oder Zellen genau zu bestimmen. Während die Einzelzell-Transkriptomik ein allgemeines Transkriptionsprofil liefern kann, ist sie nicht in der Lage, die räumliche Verteilung zwischen Zelltypen innerhalb von Geweben zu identifizieren.

Das Aufkommen von ST hat diese Lücke geschlossen, indem es räumliche Verteilungsmuster, Interaktionen zwischen zellulären Untergruppen und die Positionierung von Zelltypen in verschiedenen Gewebestrukturen sichtbar gemacht hat. Dies ist entscheidend für das Verständnis zellulärer Funktionen und Interaktionen sowie für die Aufdeckung von Entwicklungsprozessen, pathologischen Veränderungen und Mechanismen des Krankheitsverlaufs.

Der ST-Sequenzierungsprozess umfasst die Schritte Probenvorbereitung, RNA-Extraktion, RNA-Sequenzierung, Bildfassung, Datenregistrierung und Datenanalyse. Forscher stehen häufig vor Herausforderungen bei der Datenverarbeitung und -vorverarbeitung, der Integration und

Normalisierung von Datensätzen sowie der Clusterbildung und funktionalen Annotation von Daten. Herkömmliche algorithmische Werkzeuge konzentrieren sich hauptsächlich auf Genexpressionswerte und vernachlässigen räumliche Informationen, Komplexität oder Zell-Zell-Interaktionen.

Die neuen algorithmischen Werkzeuge, die von BGI-Research entwickelt wurden, nutzen fortgeschrittene statistische Techniken und Algorithmen für die effiziente Verarbeitung und Vorverarbeitung von ST-Daten, um Probleme zu lösen, die mit herkömmlichen Methoden nicht gelöst werden konnten. Sie können räumliche Genexpressionsatlanten auf

Einzelzelebene erstellen, die den Forschern genauere und detailliertere Informationen über Zelltypen und ihre räumliche Position liefern. Die Werkzeuge entfernen auch Rauschen und Batch-Effekte aus diesen Atlanten und verbessern so die Qualität und Zuverlässigkeit der Daten. Darüber hinaus bieten die Werkzeuge innovative Analysemethoden zur Untersuchung von Wechselwirkungen zwischen Zelltypen und Genexpressionsmustern.

Das Entwicklungsteam von BGI-Research hat die breite Anwendbarkeit dieser Werkzeuge auf verschiedenen ST-Sequenzierungsplattformen validiert. Die Tools zeigten eine beispielhafte Leistung bei Daten, die von der BGI Stereo-Seq-Plattform generiert wurden, die sich durch ein großes Sichtfeld und eine extrem hohe Präzision auszeichnet und mehr als 25.000 Gene gleichzeitig identifizieren kann. Sie sind auch mit anderen gängigen Plattformen kompatibel.

Die Werkzeuge stehen auf GitHub als Open Source zum kostenlosen Download und zur Nutzung zur Verfügung, was das Engagement des BGI für die Unterstützung der breiten Forschungsgemeinschaft widerspiegelt. Die Beliebtheit und Unterstützung dieser Tools ist offensichtlich: Der Stereo-Seq Analysis Workflow (SAW) Algorithmus wurde fast 100 Mal auf GitHub gebookmarkt, und die Tools Efficient and Adaptive Gaussian Smoothing (EAGS) und BatchEval Pipeline wurden insgesamt fast 2.500 Mal heruntergeladen.

Dr. Wang Qianwen von der Abteilung für Bioinformatik an der School of Basic Medical Sciences der Southern Medical University begrüßte die Veröffentlichung der Werkzeuge. "Wir setzen SAW derzeit in unserem Projekt zur Analyse von Raum-Zeit-Transkriptomsequenzierungsdaten in der Hirnforschung ein. Das SAW-Tool ist benutzerfreundlich in der Anwendung und Lernkurve,



The screenshot shows the GigaByte website interface. At the top, the logo 'GIGA byte' is displayed with the tagline 'Publishing at the Speed of Research'. Below the logo is a navigation menu with options: Home, About, Articles, Editorial Board, and Series. On the right side, there are social media icons for YouTube, Facebook, Twitter, and LinkedIn, along with a language selector set to 'English'. The main content area features a large article titled 'Spatial Omics: Methods and Application'. The article text describes spatial omics as a new field taking large-scale data-rich biological and biomedical research into new dimensions, originally centered on spatial transcriptomics. It mentions that this technique allows researchers to measure all gene activity in a tissue sample and map where the activity is occurring. A DOI link '10.46471/GIGABYTE-SERIES\_0005' is visible below the article text. At the bottom of the article, there is a decorative banner with the title 'Spatial Omics Methods and Applications' and a graphic of a globe and a network diagram.

BGI-Research stellt mit GigaScience und GigaByte eine neue Reihe von algorithmischen Werkzeugen für die räumliche Transkriptomik vor.

unterstützt durch klare Anweisungen, und es bietet eine schnelle Leistung. Darüber hinaus zeichnet sich die Software durch schnelle Reaktionszeiten bei Updates und Fehlerbehebung aus.

"Die Veröffentlichung dieser algorithmischen Werkzeuge markiert einen entscheidenden Schritt vorwärts in der räumlichen Transkriptomik und verspricht, die Forschung und Anwendung in diesem innovativen Bereich zu neuen Höhen zu führen", sagte Dr. Xu Xun, Direktor von BGI-Research. "Mit diesen Fortschritten festigt BGI-Research seine Position an der Spitze der biowissenschaftlichen Forschung und stellt Forschern weltweit die notwendigen Werkzeuge zur Verfügung, um tiefere Einblicke in die Komplexität biologischer Systeme zu gewinnen.

In einem nächsten Schritt will das BGI-Forschungsteam die Funktionalität, Effizienz und Genauigkeit der bestehenden Werkzeuge verbessern. Darüber hinaus wird die Anwendung neuer Technologien und Methoden erforscht, um die Leistung der Werkzeuge zu verbessern und ihren Anwendungsbereich zu erweitern. Das Team strebt eine Intensivierung und Ausweitung der Zusammenarbeit an, um diese Algorithmen für die Herausforderungen der biologischen Forschung einzusetzen.

Weitere Informationen finden Sie in Artikeln, die in GigaScience und GigaByte veröffentlicht wurden:

GigaScience: <https://academic.oup.com/gigascience/pages/spatial-omics-methods-and-applications>

GigaByte: [https://doi.org/10.46471/GIGABYTE\\_SERIES\\_0005](https://doi.org/10.46471/GIGABYTE_SERIES_0005)

Die Tools können hier auf GitHub heruntergeladen werden:

EAGS: <https://github.com/STOmics/EAGS>

SGAE: <https://github.com/STOmics/SGAE>

SAW: <https://github.com/STOmics/SAW>

STCellbin: <https://github.com/STOmics/STCellbin>

BatchEval: <https://github.com/STOmics/BatchEval>

VNS: <https://github.com/STOmics/VNS>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

---

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/694054917>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something

we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2024 Newsmatics Inc. All Right Reserved.