

仅供客户研究时参考，分析内容和方法请以结题报告为准

——转录调控研究部

Small RNA 分析软件说明

软件名称	版本	使用说明	主要参数
Bowtie	bowtie-0.12.9	用于短序列比对分析	-v 0 -k 1
miREvo	miREvo_v1.1	修改 mirdeep2 内部程序用于已知 miRNA 分析；整合 miREvo 和 mirdeep2 用于新 miRNA 预测；ViennaRNA 在 mirdeep2 内部调用	-i -r -M -m -k -p 10 -g 50000
mirdeep2	mirdeep2_0_0_5		quantifier.pl -p -m -r -y -g 0 -T 10
ViennaRNA	ViennaRNA-2.1.1		默认参数
srna-tools-cli	http://srna-tools.com p.uea.ac.uk/	hp_tool 用于已知 miRNA 分析； phasing 用于植物 TAS 预测	--tool hp_tool
			--tool phasing --abundance 3 --pval 0.001 --minsize 20 --maxsize 26 --trrna
RepeatMasker	open-4.0.3	重复序列分析，以 RepBase18.07 为数据库，使用 trf 和 irf 程序	-species -nolow -no_is -norna -pa 8
miRanda	miRanda-3.3a	动物 target 分析	-sc 140 -en -10 -scale 4 -strict -out
psRobot	psRobot_v1.2	植物 target 分析	-s -t -o -p 5
tRNAscan	tRNAscan-SE-1.3.1	tRNA 预测	默认参数
snoscan	snoscan-0.9b	snoRNA 预测	默认参数
Cmsearch	infernal-1.1	snRNA 预测	默认参数
DESeq	1.12.0	有重复样品差异分析	padj<0.05
DEGSeq	1.2.2	无重复样品差异分析	qvalue<0.01 log2foldchang >1
EdgeR	3.2.4	特殊情况下差异分析	padj<0.05 log2foldchang >1
GOSeq /topGO	Release2.12	GO 富集分析	enrichmentMethod: Wallenius; padjust: BH
KOBAS	v2.0	KEGG 富集分析	blastx 1e-10; padjust: BH