



上海伯豪生物技术有限公司
SHANGHAI BIOTECHNOLOGY CORPORATION

伯豪在线分析系统介绍 SAS (SBC Analysis System)

上海伯豪生物信息部
SAS管理员 钱锦
400-880-5086



SAS分析系统简介

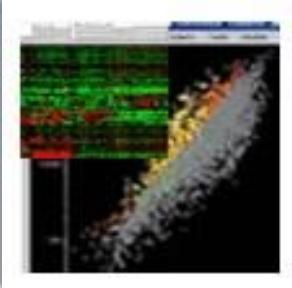
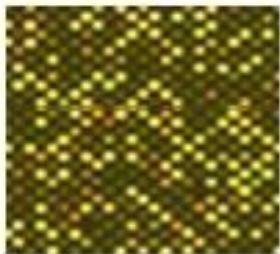


SAS (SBC Analysis System)
是上海伯豪公司推出的一款在
线的表达谱芯片实验数据分析
软件，旨在为客户提供更快速
便捷的数据分析工具。

SAS系统的组成



伯豪生物
SHBIO



数据管理

- 自行上传数据
- 文件夹及文件编辑
- 初始数据筛选
- 结果数据精简

数据分析

- 作图
- 显著性分析
- 聚类分析
- 相关分析
- 特征分析

功能注释

- 基因信息检索
- 染色体定位图
- GO分类检索
- Pathway检索
- 蛋白相互关系图
- microRNA对应检索
- Promoter检索
- Transfactor检索

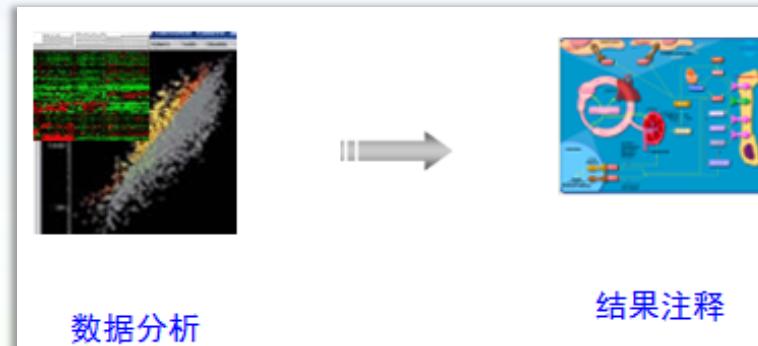
- 基于Web构建，有IE系统便可进行客户端运行，浏览器版本升级9.0、10.0、11.0都可以。



- 数据储存于SBC服务器，不占本地储存空间



- 统计运算与数据库查询在服务器完成，不占用本地CPU和内存资源



- ◆ 生物实验数据----在线统计学检验分析。



- ◆ 生物实验数据----在线生物学信息注释。



在线数据分析

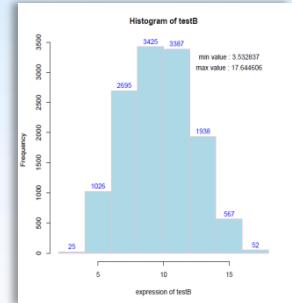
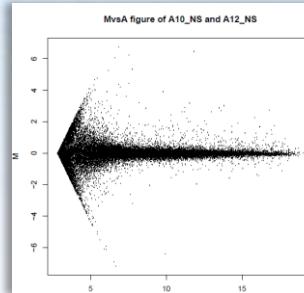


伯豪生物
SHBIO

➤ 统计分析算法核心程序，R语言（R-software），实现多种运算：

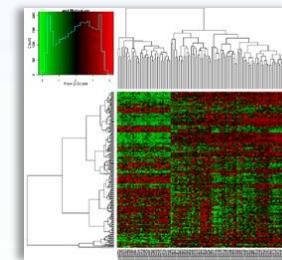
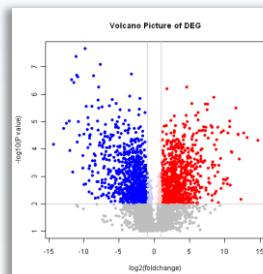
✓ 作图：

M vs A、Histogram、Venn Plot



✓ 显著性分析：

Fold Change、DiffGene、Oneway ANOVA、
Twoway ANOVA、One group ttest、Volcano

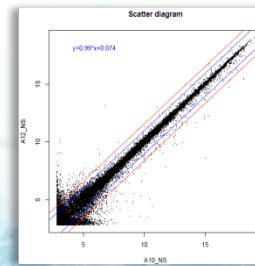
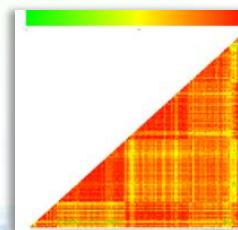


✓ 聚类分析：

Heatmap、Samplecluster、SOM、GOCluster

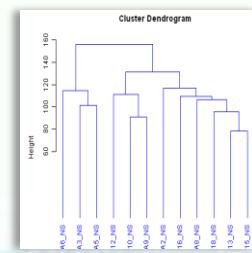
✓ 相关分析：

Correlation analysis、Regression



✓ 特征选择：

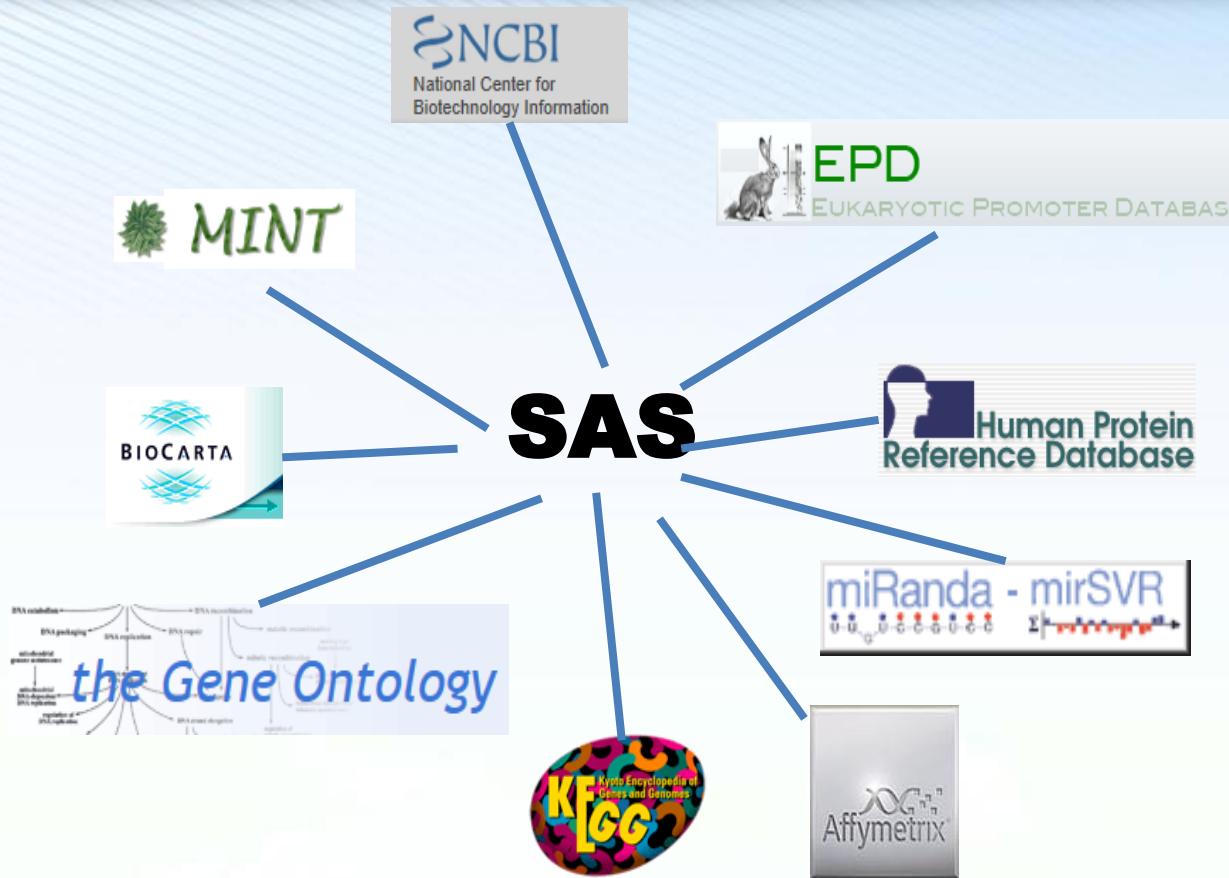
PCA



在线数据注释



伯豪生物
SHBIO



本地整合八大数据库

现已支持的物种基因组信息



- 人
- 大鼠
- 小鼠
- 牛
- 猪
- 斑马
- 鱼
- 兔
- 果蝇
-

- 大肠杆菌
- 线虫
- 青霉菌
- 酵母
-

- 拟南芥
- 水稻
- 烟草
-



更多物种正增补中.....

登陆SAS



伯豪生物
SHBIO

新SAS网址为：

在公司外部：请用 <http://www.shbio.cn/sas.html>

伯豪分析

SAS系统
为客户提供更快速便捷的数据分析工具，可通过客户端进行数据分析...

了解更多

生物信息分析小工具
可以对新一代测序技术产生的各种基因组数据进行全方位分析...

了解更多

伯豪视频

MicroRNA研究的综合解决方案

伯豪会议

2015年上海伯豪生物信息学系列网络课程之表达谱芯片数据分析专题
2015.9.24 高通量组学技术在lncRNA研究中的应用（在线讲座）
2015年非编码RNA研究及数据分析培训班（总第93期）

了解更多

伯豪资质

上海市高新技术企业
上海市科学技术委员会颁发

证书

了解更多

联系我们

技术服务热线：
800-820-5086、400-880-5086
技术服务网站：
www.ebioservice.com
地址：上海张江高科技园区李冰路151号
(201203)
电话：8621-51320288
传真：8621-51320266

邮件订阅

你的邮箱 订阅

登录SAS系统

生物芯片分析系统

新浪微博

微信公众账号

登录

生物信息小工具

SAS登陆界面



伯豪生物
SHBIO



首页界面



欢迎您! (消息: 0 新建) 退出

分子网络注释系统 BioKnow-MolNet

首页 | 数据分析 | 分子注释 | 我的数据 | 系统参数 | 站内消息 | **帮助中心**

个人信息
qianjin_1 你好!
修改密码
2014年6月30日 星期一

分析相关 已完成分析(13) 失败分析(0)
注释相关 已完成注释(13) 失败注释(2)

账户操作完成情况

通知公告

分析历史 **注释历史** **通知公告**

通知公告

查询 分类导航

	标题	发布时间	发布人	所属部门	公告类型	截止时间	重要性	创建人	创建单位	创建时间	附件
1	SBC Analysis System培训教程	2014-05-23	SAS管理员	技术支持部	视频		重要公告	SA		2014-05-23 16:55	1. SBC Analysis System培训视频.mp4
2	内部测试	2012-02-22	sas管理员	技术支持部		2012-02-29	重要公告	SA		2011-02-22 17:49	

侧拉框

修改密码



伯豪生物
SHBIO

点击页面左边的“修改密码”，进入设定界面，请在此处修改登录密码并保存。



分子网络注释系

首页 | 数据分析 | 分子注释 | 我的数据 | 系统参数 | 站内消息 | 帮助中心

个人信息

qianjin_1 你好！

修改密码

2014年6月30日 星期一

我的数据

数据分析

- 新增数据分析
- 分析历史

分子注释

- 新增分子注释
- 注释历史

系统章程

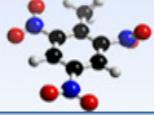
- 分析排队
- 注释排队

旧密码：

新密码：

确认新密码：

为了保证您的数据信息的安全，请在首次登录后，尽快更改密码并妥善保管。



分子网络注释系统

BioKnow-MolNet

欢迎您! (消息: 0 新建) 退出

首页 | 数据分析 | 分子注释 | **我的数据** | 系统参数 | 站内消息 | 帮助中心

个人信息
qianjin_1 你好!
修改密码
2014年6月30日 星期一

分析相关 已完成分析(13) 失败分析(0)
注释相关 已完成注释(13) 失败注释(2)

分析历史 **注释历史** **通知公告**

通知公告 

查询 **分类导航**

	标题	发布时间	发布人	所属部门	公告类型	截止时间	重要性	创建人	创建单位	创建时间	附件
1	SBC Analysis System培训教程	2014-05-23	SAS管理员	技术支持部	视频		重要公告	SA		2014-05-23 16:55	1. SBC Analysis System培训视频.mp4
2	内部测试	2012-02-22	sas管理员	技术支持部		2012-02-29	重要公告	SA		2011-02-22 17:49	

账户内容



每个帐户开通之初，都有两个预先建立好的文件夹：data和output。

当前路径: /MyData / Data 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	9 samples nor data demo.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	460 KB	2012-04-25 12:03
2.	Demo all nor data with flag.txt	重命名 列标签生成 筛选数据	2089 KB	2010-04-26 13:42

全选/不选 移动 删除 打包下载

	名称	操作	大小	修改时间
1.	Data	重命名		2014-02-21 15:40
2.	Help	重命名		2014-02-21 15:40
3.	Output	重命名		2014-02-21 15:40

全选/不选 移动 删除 打包下载

当前路径: /MyData / Data 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	9 samples nor data demo.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	460 KB	2012-04-25 12:03
2.	Demo all nor data with flag.txt	重命名 列标签生成 筛选数据	2089 KB	2010-04-26 13:42

全选/不选 移动 删除 打包下载

data文件夹：

Demo数据——可以进行SAS系统的各项分析运算，供客户测试使用。
您的芯片初始数据——已经过修改整理，其格式符合系统运算要求。

output文件夹：

做为分析结果的保存。

编辑文件



您可以对文件夹或文件进行各种编辑：新建、移动、删除、重命名。

当前路径： / MyData / Data 刷新

上传文件 新建文件夹 点击文件夹或文件的名称直接打开该文件夹或文件；

	名称 ▲	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	9 samples nor data demo.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	460 KB	2012-04-25 12:03
2.	Demo all nor data with flag.txt	重命名 列标签生成 筛选数据	2089 KB	2010-04-26 13:42

全选/不选 移动 删除 打包下载

在左侧的方框中
打勾代表选中该
文件夹或文件。

大量的结果数据
还可以多项选中，
点击“打包下载”
批量下载到您自
己的电脑上。



为了避免系统运算读取路径时出错，重命名文件或文件夹时请不要在名字
中出现中文、空格或特殊字符。

自行上传文件



伯豪生物
SHBIO

当前路径： / MyData 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
1.	<input type="checkbox"/> Data	重命名		2014-02-21 15:40
2.	<input type="checkbox"/> Help	重命名		2014-02-21 15:40
3.	<input type="checkbox"/> Output	重命名		2014-02-21 15:40

全选/不选 移动 删除 打包下载



当前路径： / MyData 刷新

上传文件 新建文件夹

1. C:\fakepath\1111111.txt

浏览...

确定上传 取消

	名称	操作	大小	修改时间
1.	<input type="checkbox"/> Data	重命名		2014-02-21 15:40
2.	<input type="checkbox"/> ...	重命名		2014-02-21 15:40



当前路径： / MyData 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
1.	<input type="checkbox"/> 1111111.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	2686 B	2014-03-14 01:27
2.	<input type="checkbox"/> Data	重命名		2014-02-21 15:40
3.	<input type="checkbox"/> Help	重命名		2014-02-21 15:40
4.	<input type="checkbox"/> Output	重命名		2014-02-21 15:40

全选/不选 移动 删除 打包下载

系统运算对数据的文件格式有一定的要求，因此在上传之前必须先修改数据格式，具体要求请参阅《SAS 系统上传数据格式要求》。

数据分析



伯豪生物
SHBIO

点击芯片分析进入数据分析界面

首页 芯片分析 分子注释 我的数据 站内消息

新建分析 分析历史 分析排队

点击此处可看到之前的所有操作。

数据分析

1, 输入文件 文件选择...

2, 设定文件类型 表达谱芯片

3, 选择算法

- 表达谱芯片
- 作图
 - M Vs. A
 - Histogram
 - Venn Plot
- 显著性分析
 - Foldchange
 - DiffGene
 - onewayANOVA
 - twowayANOVA
 - one group ttest
 - Volcano
- 聚类分析
 - HeatMap
 - Samplecluster
 - som
 - gacluster
- 相关分析
 - Correlation Analysis
 - Regression
- 特征选择
 - PCA

也可点击这里

个人信息 qianjin_1 你好！
修改密码
2014年6月30日 星期一

我的数据

数据分析

新增数据分析

分析历史

分子注释

新增分子注释
注释历史

系统线程

分析排队
注释排队

Diffgene示例：选择表达文件



分子网络注释系统

BioKnow-MoI-Net

首页 | 数据分析 | 分子注释 | 我的数据 | 系统参数 | 站内消息 | 帮助中心

个人信息
qianjin_1 你好！
修改密码
2014年7月1日 星期二

数据分析
1, 输入文件
2, 设定文件类型 表达谱芯片
3, 选择算法 表达谱芯片
我的数据
数据分析

当前路径: /MyData/differedata/BH13492_014850_agilent_human 刷新
上传文件 新建文件夹

1, 输入文件 file:/differedata/BH13492_014850_agilent_human/BH13492-2_nor_
2, 设定文件类型 表达谱芯片
3, 选择算法
Label File:
Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same
is logged: logged
pvalue Threshold: 0.1
qvalue Threshold: 10
idr check: none
outputfolder:
运行 帮助

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	test1_VS_ctrl	重命名		2014-03-12 22:28
2.	test2_VS_ctrl	重命名		2014-03-04 16:15
3.	test3_VS_ctrl	重命名		2014-03-04 16:15
4.	BH13492-2_nor_data.txt	重命名 列标签生成 筛选数据	6131 KB	2014-03-02 14:30
5.	BH13492-2_nor_data.txt.001.label	重命名	70 B	2014-03-12 23:33

分组标签



1, 输入文件 file:/differedata/BH13492_014850_agilent_human/BH13492-2_nor_ 文件选择...

2, 设定文件类型 表达谱芯片 ▼

3, 选择算法

- 表达谱芯片
- 作图
 - M Vs. A
 - Histogram
 - Venn Plot
- 显著性分析
 - Foldchange
 - DiffGene
 - onewayANOVA
 - twowayANOVA
 - one group ttest
 - Volcano
- 聚类分析
- HeatMap

Label File: (highlighted)

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same ▾

is logged: logged ▾

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 10

fdr check: none ▾

outputfolder:

运行 帮助

当前标签文件: BH13492-2_nor_data.txt.001.label 切换至 BH1

保存

注: 1. 请注意文件自身的第一列不计入标签设定列。
2. 请录入字符, 0表示不入选, 1表示第一组, 2表示第二组, 请根据算法要求设定。
3. r表示不参与运算, 但在结果中保留(reserved)的列。
4. 不设定时, 保存后将自动设定为0, 表示不入选。
从 1 到 24 设定为 0 确定

列名称	分组标签
ProbeName	
1 A10_NS	1
2 A12_NS	1
3 A13_NS	1
4 A15_NS	2
5 A16_NS	2
6 A18_NS	2
7 A2_NS	0
8 A3_NS	0

当前路径: /MyData/differedata/BH13492_014850_agilent_human 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	test1_VS_ctrl	重命名		2014-03-12 22:28
2.	test2_VS_ctrl	重命名		2014-03-04 16:15
3.	test3_VS_ctrl	重命名		2014-03-04 16:15
4.	BH13492-2_nor_data.txt	重命名 列标签生成 筛选数据	6131 KB	2014-03-02 14:30
5.	BH13492-2_nor_data.txt.001.label	重命名	70 B	2014-03-12 23:33

不同的分析方法, 对label file设置也不一样。



选择列标签文件

当前路径: / MyData / differedata / BH13492_014850_agilent_human 刷新

上传文件 新建文件夹

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	test1_VS_ctrl			
2.	test2_VS_ctrl			
3.	test3_VS_ctrl			
4.	BH13492-2 nor data.txt			
5.	<input checked="" type="checkbox"/> BH13492-2 nor data.txt.001.label			
6.	BH13492-2 nor data.txt.002.label	重命名	70 B	2014-03-07 18:11
7.	BH13492-2 nor data.txt.003.label	重命名	70 B	2014-03-09 13:23

来自网页的消息
确定选择 BH13492-2_nor_data.txt.001.label 吗?

确定 取消



1, 输入文件 file:/differedata/BH13492_014850_agilent_human/BH13492-2_nor_ 文件选择...

2, 设定文件类型 表达谱芯片 ▾

3, 选择算法

- 表达谱芯片
- 作图
 - M Vs. A
 - Histogram
 - Venn Plot
- 差异性分析
 - Foldchange
 - DiffGene
 - onewayANOVA
 - twowayANOVA
 - one group ttest

Label File: file:/differedata/BH13492_014850_agilent_human/ 文件选择...

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same ▾

is logged: logged ▾

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 10

fdr check: none ▾

outputfolder: 文件选择...

运行 帮助

参数设定



数据分析

1. 输入文件

file:/176_data_48804.txt

2. 设定文件类型

表达谱芯片

3. 选择算法

表达谱芯片

作图

- M Vs. A
- Histogram
- Venn Plot

显著性分析

- Foldchange
- DiffGene
- onewayANOVA
- twowayANOVA

Label File:

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same

is logged: logged

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 0.1

outputfolder:

Type of test : 选择t-test进行等方差或者异方差的运算，一般选择异方差运算 “...NOT the same” 。

p-value : 如p-value设定为0.05，表示得出的分析结果中只显p-value<0.05的数据。

q-value : 设定方法同p-value。如将p-value或q-value设置为1表示只计算不筛选。

保存设置



伯豪生物
SHBIO

1. 输入文件 file:/176_data_48804.txt 文件选择...

2. 设定文件类型 表达谱芯片 ▾

3. 选择算法

- 表达谱芯片
- 作图
 - M Vs. A
 - Histogram
 - Venn Plot
- 显著性分析
 - Foldchange
 - DiffGene
 - onewayANOVA
 - twowayANOVA

Label File: 文件选择...

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same ▾

is logged: logged ▾

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 0.1

outputfolder: 文件选择...

运行 帮助 独立运行

Label File: file:/176_data_48804.txt.001.label 文件选择...

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same ▾

is logged: logged ▾

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 0.1

outputfolder: folder:/output/20150317 文件选择...

运行 帮助 独立运行

<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	input
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	inputfile
<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	Output
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	result

运行



伯豪生物
SHBIO

Label File: file:/differedata/BH13492_014850_agilent_human/l 文件选择...

Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same ▾

is logged: logged ▾

pvalue Threshold: 0.1

qvalue Threshold: 10

fdr check: none ▾

outputfolder: folder:/Output 文件选择...

运行 **帮助**

查看没有问题，就点击运行，系统会自动刷新。

点击帮助可以看到关于相应分析方法的注释。

DiffGene

一、DiffGene

算法说明：

组合t-test和SAM的结果。

SAM算法原理：以foldchange与两类标准差的比值作为检验统计量，用随机打乱类别标号的方法计算出该统计量的均值，用使用原始数据计算得到的统计量与该均值比较，如果差值的绝对值大于某个阈值则判为差异表达。

SAM算法参考：Tusher, V., Tibshirani, R. and Chu, G. (2001): Significance analysis of microarrays applied to the ionizing radiation response PNAS 2001 98: 5116-5121

T-test算法：实现了两类样本在方差相等和方差不相等情况下的非配对数据

T-test算法参考：George Casella, Roger L.Berger, Statistical Inference

机械工业出版社.2002中第8章

核心函数：

T-test:t.test(R.default)

SAM: samr (R.default)

输入检测说明：

1、样本量大于等于10

查看状态



分子网络注释系统 BioKnow-MoI Net

个人信息

qianjin_1 你好！

修改密码

2014年6月30日 星期一

我的数据

数据分析

新增数据分析
分析历史

分子注释

新增分子注释
注释历史

系统线程

分析排队
注释排队

通常每个运算需要运行几秒钟到数分钟即可完成。

运行速度可能与以下因素有关：

- 不同的分析运算
- 当地地区的网速
- 数据量的大小
- 计算机本身的配置



若要节约时间，您可以同时运行多个运算，包括Analysis和Annotation。

查看结果文件1



分子网络注释系统 BioKnow-MoI Net

当前路径： /MyData 刷新

上传文件 新建文件夹

全选/不选 移动 删除 打包下载

	名称	操作	大小	修改时间
1.	Data	重命名		2014-05-21 09:45
2.	Help	重命名		2014-03-25 19:20
3.	input	重命名		2014-05-11 15:40
4.	inputfile	重命名		2014-05-29 11:40
5.	Output	重命名		2014-05-11 15:40
6.	testoutput	重命名		2014-03-28 09:45
7.	testoutput_1	重命名		2014-05-21 09:45

全选/不选 移动 删除 打包下载

	名称	操作	大小	修改时间
	上级目录			
1.	0305	重命名		2014-03-05 20:05
2.	shuangbiao	重命名		2013-07-30 15:07
3.	compare_result.filter	重命名	1580 B	2014-03-09 14:21
4.	compare_result.png	重命名	9258 B	2014-03-09 14:21
5.	DiffGene_result.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	936 KB	2014-03-14 19:50
6.	go_cluster.png	重命名	1064 B	2014-03-12 23:58
7.	heatmap_result.xls	重命名	143 B	2014-03-06 20:27

全选/不选 移动 删除 打包下载

文件下载后可用excel格式打开

查看结果文件2



运行 帮助

目录 /Output
文件 Output/DiffGene_result.txt

/Output/DiffGene_result.txt 共4143行，显示100行 [在新窗口打开](#) [继续分析](#)

probeset	A10_NS	A12_NS	A13_NS	A15_NS	A16_NS	A18_NS	pvalues	foldchange	fdr	qvalue
A_23_P212522	6.480204	6.777706	6.758574	7.140209	6.928906	6.903680	0.0626926848705423	1.24726705781566	0.0626926848705423	0.301671511
A_23_P253052	11.673487	11.640222	12.503818	12.527816	12.611811	13.382602	0.0831257089985586	1.86809436511008	0.0831257089985586	0.301671511
A_23_P146584	9.819093	9.832883	9.845369	10.480515	10.489513	10.301750	0.00966549239703725	1.50678927189104	0.00966549239703725	0.301671511
A_32_P22191	9.279426	9.338396	9.302326	9.555021	9.748593	9.700657	0.0183373644697209	1.28464909120142	0.0183373644697209	0.301671511
A_24_P209571	14.330827	14.387338	14.424467	14.491425	14.482180	14.482967	0.0599036475828365	1.0752310212236	0.0599036475828365	0.301671511



probeset	A10_NS	A12_NS	A13_NS	A15_NS	A16_NS	A18_NS	pvalues	foldchange	fdr	qvalues	mean1	mean2	median1	median2	stdvar1	stdvar2
A_23_P2126	6.480204	6.777706	6.758574	7.140209	6.928906	6.903680	0.062693	1.247267	0.062693	0.301672	6.672161	6.990932	6.758575	6.928906	0.166515	0.129892
A_23_P253	11.673489	11.640222	12.50382	12.52782	12.61181	13.3826	0.083126	1.868094	0.083126	0.301672	11.93918	12.84074	11.67349	12.61181	0.489277	0.471139
A_23_P146	9.819093	9.832883	9.845369	10.48052	10.48951	10.30175	0.009665	1.506789	0.009665	0.301672	9.832448	10.42393	9.832883	10.48052	0.013143	0.105903
A_32_P221	9.279426	9.338396	9.302326	9.555021	9.748593	9.700657	0.018337	1.284649	0.018337	0.301672	9.306716	9.66809	9.302326	9.700657	0.029729	0.100812
A_24_P209	14.33083	14.38734	14.42447	14.49143	14.48218	14.48297	0.059904	1.075231	0.059904	0.301672	14.38088	14.48552	14.38734	14.48297	0.047153	0.005126
A_24_P151	11.91	11.75792	12.0991	12.03847	12.30464	12.38471	0.090188	1.248564	0.090188	0.301672	11.92234	12.24261	11.91	12.30464	0.170923	0.181264
A_32_P156	11.52575	11.1582	11.51886	11.75409	11.84238	11.80906	0.074863	1.320334	0.074863	0.301672	11.40094	11.80184	11.51886	11.80906	0.210243	0.044586
AT_ssH_FC	13.09698	12.99877	13.69857	13.79869	13.7073	14.16269	0.085094	1.541986	0.085094	0.301672	13.26477	13.88956	13.09698	13.79869	0.378871	0.240912

p-value : 是待检测的两个样本群来自具有相同均值的正态分布的可能性 , p值越小 , 说明这两组数据差异 的显著性越明显。通常定义p<0.05为显著性差异 , p<0.01是强显著性差异。

q-value值 : 是在确定样品量和p值的前提下 , 误判率FDR (false discover rate) 的最小值 , 表示某个被筛选出来的显著性差异基因属于假阳性的最小概率。一般q值设定在<0.05 , 在一些小样本量的分析中可以放宽至<0.25。

foldchange : 两组样本的差异倍数

mean : 每组样本的信号值均值

median : 每组样本信号值的中位值

stdvar : 每组样本的信号值标准差

查看结果文件3



伯豪生物
SHBIO

The screenshot shows the software's main interface with a navigation bar at the top and a central workspace. On the left, there's a sidebar with '个人信息' (Personal Information), '我的数据' (My Data) with '数据分析' (Data Analysis) selected, and '分析历史' (Analysis History) highlighted with a red box. Below that are '分子注释' (Molecular Annotation), '系统线程' (System Thread), and '分析排队' (Analysis Queue). The central workspace has a tree view under 'Analysis' with nodes like 'DiffGene(4)', 'gocluster(1)', etc., and two detailed result tables below. The first table is titled 'DiffGene 结果显示' and the second is also 'DiffGene 结果显示'. Both tables have columns for 'Name', 'Expression File', 'Label File', 'Type of t-test', 'is logged', 'pvalue Threshold', 'qvalue Threshold', 'fdr check', and 'outputfolder'. A red arrow points from the 'Analysis' tree to the first result table.

Name	Parameter
DiffGene 结果显示	Expression File: 文件 /Data/Demo_all_nor_data_with_flag.txt Label File: 文件 /Data/Demo_all_nor_data_with_flag.txt.003.label Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same is logged: logged pvalue Threshold: 0.01 qvalue Threshold: 10 fdr check: none outputfolder: 目录 /testoutput_1/diffgene
DiffGene 结果显示	Expression File: 文件 /testoutput_1/processdata/45sample_all_present_call.txt Label File: 文件 /testoutput_1/processdata/45sample_all_present_call.txt.002.label Type of t-test: the variance of the two classes are NOT the same is logged: logged pvalue Threshold: 0.01



目录 /Output
文件 /Output/DiffGene_result.txt

/Output/DiffGene_result.txt 共4143行, 显示100行 在新窗口打开 继续分析

probeset	A10_NS	A12_NS	A13_NS	A15_NS	A16_NS	A18_NS	pvalues	foldchange	fdr	qvalues	mean1	mean1	median1	median1	stdvar1	stdvar2
A_23_P212522	6.480204	6.777706	6.758574	7.140209	6.928906	6.903680	0.0626926848705423	1.24726705781566	0.0626926848705423	0.379245116840717	6.67216126666667	6.99093166666667	6.7585745	6.928906	0.166515194644343	0.129891525881111
A_23_P230952	11.673487	11.640222	12.503818	12.527816	12.611811	13.382602	0.0831257089985586	1.86809436511008	0.0831257089985586	0.379245116840717	11.93917566666667	12.840743	11.673487	12.611811	0.49277389116168	0.471139227741652
A_23_P146584	9.819093	9.832883	9.845369	10.480515	10.489513	10.301750	0.00966549239703725	1.50678927189104	0.00966549239703725	0.379245116840717	9.83244833333333	10.423926	9.832883	10.480515	0.0131433916982385	0.105903126644118
A_32_P22191	9.279426	9.338396	9.302326	9.555021	9.748593	9.700857	0.0183373644697209	1.28464909120142	0.0183373644697209	0.379245116840717	9.306716	9.66809033333333	9.302326	9.700657	0.029720908539982	0.10081155999851
A_24_P209571	14.330387	14.387338	14.424467	14.491425	14.482180	14.482967	0.059903475823836	1.0752310212336	0.059903475823836	0.379245116840717	14.30807733333333	14.485524	14.387338	14.482967	0.04715128494979	0.0071255419072601
A_24_P151920	11.090996	11.757919	12.090996	12.038470	12.304640	12.384710	0.090187734416083	1.2485639072093	0.090187734416083	0.379245116840717	11.922337	12.24260666666667	11.909996	12.30464	0.17022969617895	0.181263993206961
A_32_P165549	11.525754	11.158204	11.518858	11.754087	11.842378	11.809061	0.0748639533228156	1.3203437066662	0.074862953228156	0.379245116840717	11.801842	11.518858	11.809061	0.21024266330817	0.0445859915332158	
AT_gft_PC_3	13.069683	12.998770	13.698565	13.798690	13.707303	14.162694	0.0851094127629571	1.5419859996291	0.085094127629571	0.379245116840717	13.26471762666667	13.889562333333	13.069683	13.79869	0.37881702643892	0.240911968246356
A_23_P156577	10.824865	10.977112	10.741807	10.716579	10.594054	10.656656	0.0895764984141432	0.87529111642136	0.0895764984141432	0.379245116840717	10.847928	10.655762833333	10.824865	10.656656	0.119335817058417	0.0612671329921956
A_32_P10665	7.946065	8.134657	7.865815	7.786378	7.598836	7.559184	0.0352574013976447	0.792760562720562	0.0352574013976447	0.309661190127727	7.9821789	7.647136	7.946065	7.598836	0.13801161508087	0.122125459184234
A_23_P270950	10.514631	10.478167	10.848970	10.965467	10.869058	11.107138	0.0710700613466357	1.38507583645305	0.0710700613466357	0.379245116840717	10.614734333333	10.976087833333	10.514631	10.465467	0.2042221640108	0.13109088557215

点击结果显示，会在新的界面里显示结果，同样可以下载打开

Heatmap结果展示



伯豪生物
SHBIO

左侧文件夹树状图：

- Foldchange
- DiffGene
- onewayANOVA
- twowayANOVA
- one group ttest
- Volcano
- 聚类分析
 - HeatMap
 - Samplecluster
 - som
 - gcluster
- 相关分析
 - Correlation Analysis
 - Regression
- 特征选择
- PCA

中间上方窗口显示：

目录 /Output
文件 /Output/heatmap_result.cdt
文件 /Output/heatmap_result.png

/Output/heatmap_result.cdt

View heatmap

右侧下方窗口显示：

2. shuangbiao 重命名
3. compare_result_filter 重命名
4. compare_result.png 重命名
5. DiffGene_result.txt 重命名
6. go_cluster.png 重命名
7. heatmap_result.atr 重命名
8. heatmap_result.cdt 重命名
9. heatmap_result.gtr 重命名
10. heatmap_result.png 重命名
11. histogram.pdf 重命名
12. onegroupntest_result.txt 重命名

中间下方窗口显示：

目录 /Output
文件 /Output/heatmap_result.cdt
文件 /Output/heatmap_result.png

/Output/heatmap_result.cdt

View heatmap

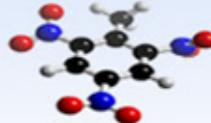
右侧下方窗口显示：

Java TreeView (Applet) : http://172.16.10.11/ftwebfolder.showfile.do?webfilename=MyData&down=false&filename=%2F...
File Settings Analysis Export Window Help
View Status No status info for:
Usage Hints Click and drag to scroll

Java Applet Window

右侧下方窗口显示：

A_23_P8400
A_23_P326852
A_24_P10801
A_24_P1080057
A_23_P6435
A_32_P12703
A_23_P42802
A_24_P318839
A_23_P35595
A_23_P132560
A_23_P145204
A_23_P201940
A_23_P38427
A_23_P40108
A_23_P159237
A_23_P31407
A_23_P32721
A_23_P386105
A_32_P116857
A_23_P110941
A_24_P11717
A_24_P17814
A_24_P354748
A_24_P787947
A_32_P153071

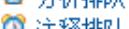


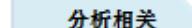
分子网络注释系统

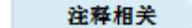
BioKnow-MoI Net

首页 | 数据分析 | **分子注释** | 我的数据 | 系统参数 | 站内消息 | 帮助中心 |

 个人信息
qianjin_1 你好!
修改密码
2014年7月1日 星期二

 我的数据
 数据分析
 新增数据分析
 分析历史
 分子注释
 新增分子注释
 注释历史
 系统任务
 分析排队
 注释排队

 分析相关
已完成分析(13)  失败分析(0) 

 注释相关
已完成注释(13)  失败注释(2) 

分析历史 **注释历史**

 通知公告 

 查询  分类导航

#	标题	发布时间	发布人	所属部门	公告类型	截止时间	重要性	创建人	创建单位
1	SBC Analysis System培训教程	2014-05-23	SAS管理员	技术支持部	视频		重要公告	SA	
2	内部测试	2012-02-22	sas管理员	技术支持部		2012-02-29	重要公告	SA	

分子注释操作



伯豪生物
SHBIO

ProbeName
CUST_2480_PI428629372
CUST_2958_PI428629372
CUST_21870_PI428629372
CUST_19629_PI428629372

GeneId
9899
23594
6923
79641

分子注释 隐藏 / 显示 参数设定 说明

1. 输入注释文件
直接输入文件内容或从网络硬盘选择
文件选择...

2. 设定分子类型
ProbeID(动物/上限6000)
分子ID矩阵 (需要是TAB间隔的文本文件, 第一行是列头, 第一列是分子ID)
附加显示列: 选择...
仅分子ID (需要是TAB、空格、逗号或回车间隔的文本文件)
在新窗口中打开 运行

3. 注释文件类型

点击, 自动跳到 Mydata 数据界面

ProbeID(动物/上限6000)
ProbeID(动物/上限6000)
ProbeID(植物/上限6000)
PROBEE ID(Free Annotation)
Variation(SNP、CNV、indel上限200)
miRNATargets(上限1000)
GENE SYMBOL
GENE ID
SwissProt ID

结果展示



伯豪生物
SHBIO



对于此表格可下
载为CSV格式

Abstract Download abstract.htm|.csv

Results

1.	Abstract
2.	Chromosome Location
3.	Probe To GoTerm
4.	GoTerm To Probe
5.	Gene to Pathway
6.	Pathway to Gene
7.	Interaction Picture
8.	Protein Interaction
9.	Gene To Promoter
10.	Gene To Transfactor

Download

Notes:

1. Some functions are not available on the local machine after download.
2. Result files save on the server for one month. After then if you need them, please run again.

点击Abstract展示探针在GeneBank中匹配的GeneID，蛋白质编号及在染色体上定位及相关描述

				ProbeId	GeneId	Symbol	Taxid	Chromosome	Chr_start	Chr_stop	Chr_orient	Locustag	Swissprot		Synonyms
1.	Abstract						9606	12	57522282	57607142	+			Q07954 Q59FG2	A2MR APOER APR CD91 FLJ16451 IGFBP3R LRP MGC88725 TGFBR5
2.	Chromosome Location						9606	9	135766735	135820020	-			B7Z897 Q32NF0 Q86WV8 Q92574	KIAA0243 LAM MGC86987 TSC
3.	A_23_P203819	2802		GOLGA3	9606	12		133345495	133405426	-	-		Q08378	GCP170 MEA-2	
4.	A_23_P145024	154		ADRB2	9606	5		148206156	148208197	+	-		P07550	ADRB2R ADRB R B2AR BAR BETA2AR	
5.	A_23_P419038	9575		CLOCK	9606	4		56298660	56412997	-	-		O15516	KAT13D KIAA0334 bHLHe8	
6.	A_24_P209204	81688		C6orf62	9606	6		24705089	24719403	-		RP1-30M3.4	Q9GZU0	DKFZp564G182 FLJ12619 Nbla00237 XTP12 dJ30M3.2	
7.	A_23_P427299	729915		LOC729915	9606	5		34189680	34193758	+	-			-	
8.	A_23_P33809	55272		IMP3	9606	15		75931426	75932664	-	-		Q9NV31	BRMS2 C15orf12 DKFZp586L0118 FLJ10968 MRP84	
9.	A_32_P112881	29934		SNX12	9606	X		70280788	70288231	-	-		Q3SYF1 Q9UMY4	MGC118982 MGC118983	
10.	A_23_P398947	148281		SYT6	9606	1		114631914	114696472	-		RP5-1037B23.1	Q5T7P8	-	
														P29590 Q59FP9	

Chromosome Location



伯豪生物
SHBIO



Results

1. [Abstract](#)
2. **Chromosome Location**
3. [Probe To GoTerm](#)
4. [GoTerm To Probe](#)
5. [Gene to Pathway](#)
6. [Pathway to Gene](#)
7. [Interaction Picture](#)
8. [Protein Interaction](#)
9. [Gene To Promoter](#)
10. [Gene To Transfector](#)

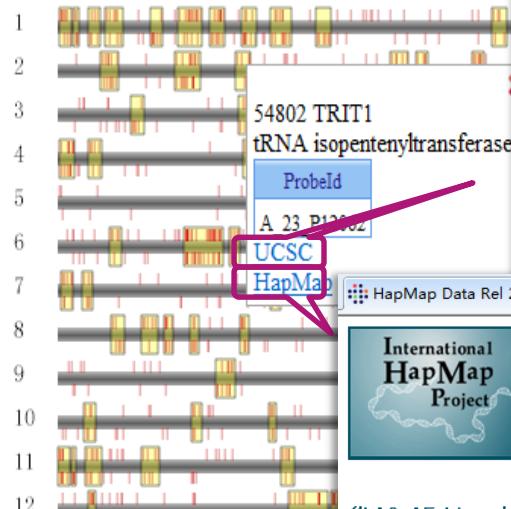


Notes:

1. Some functions are not available on the local machine after download.
2. Result files save on the server for one month. After then if you need them, please run again.

Chromosome Location

注: 1. 浏览器显示图形需要安装SVGViewer, >>下载
2. 按ALT键, 可以拖动图片。右键菜单可以放大或缩小图片



Gene Island Distance: 1000000

NCBI Resources How To

Gene Gene Advanced

Display Settings: Full Report Send to

TRIT1 tRNA isopentenyltransferase 1 [Homo sapiens (human)]

Gene ID: 54802, updated on 12 Mar 2014

Genomes Genome Browser Tools Mirrors Downloads My Data About Us View Help

UCSC Genome Browser on Human Feb. 2009 (GRCh37/hg19) Assembly

move <<< << < > >> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x

1:40,306,703-40,349,177 42,475 bp enter position, gene symbol or search terms go New! On-site workshops available

chr1 (p34.2) p31.1 1q12 q41 q44

scale chr1: 40,315,000 40,320,000 40,325,000 40,330,000 40,335,000 40,340,000 40,345,000 hg19

UCSC Genes (RefSeq, GenBank, CCDS, Rfam, tRNAs & Comparative Genomics)

TRIT1 TRIT1 TRIT1 TRIT1 TRIT1 TRIT1

HapMap Data Rel 28 PhaseII+III, August10, ...

International HapMap Project International

Home | About

從42.45 kbp 中顯示 chr1, 位置從 40,079,315 到 40,121,764

■ 介紹

可以使用序列名, 基因名, 進傳位點 或其它標記進行搜索。允許帶#配符。點擊標尺使位點居中。使用卷動/縮放按鈕改變放大倍數和

范例 : Chr20, Chr9:660,000..760,000, SNP:rs6870660, NM_153254, BRCA2, 5q31, ENM010, gwa*, PARK3,

[添加到書籤] [上傳您自己的注釋] [隱藏標題] [Share these tracks] [圖像鏈接] [SNP genotype data] [高質量SVG圖像] [幫助] [重置]

■ 查詢

Help links:

- Home - [- Tools -](#) [- Tools -](#) [- Projects -](#) [- Comparative data -](#)

標志或區域:

TRIT1

查詢

數據來源

Probe to GOTerm





Results

1.	Abstract
2.	Chromosome Location
3.	Probe To GoTerm
4.	GoTerm To Probe
5.	Gene to Pathway
6.	Pathway to Gene
7.	Interaction Picture
8.	Protein Interaction
9.	Gene To Promoter
10.	Gene To Transfactor

[Download](#)

Notes:
1. Some functions are not available on the local machine after download.
2. Result files save on the server for one month. After then if you need them, [download again](#).

Probe To GoTerm [Download probe2go2.htm.csv](#)

	ProbeId	Symbol	GeneBankAcc	UniGeneID	GOID
1.	A_23_P100022	SV2B	NM_014848	Hs.21754	13
2.	A_23_P100196	USP10	NM_005153	Hs.136778	13
3.	A_23_P100341	ORC6L	NM_014321	Hs.49760	6
4.	A_23_P100344	ORC6L	NM_014321	Hs.49760	6
5.	A_23_P100392	TCEB2	NM_007108	Hs.172772	8
6.	A_23_P100499	ROGDI	NM_024589	Hs.459795	3
7.	A_23_P100517	TMEM170A	NM_145254	Hs.487510	2
8.	A_23_P100576	PSMB3	NM_002795	Hs.82793	10
9.	A_23_P100711	PMP22	NM_000304	Hs.372031	9
10.	A_23_P101007	NOTUM	NM_178493	Hs.106137	2
11.	A_23_P101013	TMC6	NM_007267	Hs.632227	4
12.	A_23_P101193	MYO5B	NM_001080467	Hs.720076	7
13.	A_23_P101392	TMEM38A	NM_024074	Hs.436068	9
14.	A_23_P101427	EVI5L	NM_145245	Hs.26870	5
15.	A_23_P101551	BCAT2	NM_001190	Hs.512670	10
16.	A_23_P101642	PTPRH	NM_002842	Hs.179770	8
17.	A_23_P101707	PLIN3	NM_005817	Hs.140452	10

InputId GoTerm Info
A_23_P101427

GOId
GO:0005096
GO:0005097
GO:0005515
GO:0005622
GO:0032313

all

- [GO:0003674 molecular_function](#)
- [GO:0030234 enzyme regulator activity](#)
- [GO:0008047 enzyme activator activity](#)
- [GO:0005096 GTPase activator activity](#)
- [GO:0060589 nucleoside-triphosphatase regulator activity](#)
- [GO:0030695 GTPase regulator activity](#)
- [GO:0005096 GTPase activator activity](#)

GOTerm To Probe



Results

1. [Abstract](#)
2. [Chromosome Location](#)
3. [Probe To GoTerm](#)
4. **GoTerm To Probe**
5. [Gene to Pathway](#)
6. [Pathway to Gene](#)
7. [Interaction Picture](#)
8. [Protein Interaction](#)
9. [Gene To Promoter](#)
10. [Gene To Transfactor](#)

[Download](#)

Notes:

1. Some functions are not available on

GOTerm To Probe

Total 40994, Input 3468

Show Level: 1 2 3 4 [Go Cluster](#) [Download CSV](#)

点击直接到
GO聚类界面

可以下载

GOId	Level	Name	Hits	Total	Enrichment test pvalue	qvalue
GO:0003674	1	molecular function	2521	23039	0.0	0.0
GO:0003824	1	catalytic activity	1008	8017	0.0	0.0
GO:0004803	1	transmembrane transporter activity	15	5	0.3857	0.2637
GO:0008265	1	nitrate reductase sulfite reductase activity	10	2	0.0160	0.1964
GO:0008641	1	oxidoreductase activity	1	1	0.2545	0.2545
GO:0009975	3	cyclic nucleotide-gated channel activity	5	1008	0.4212	0.4212
GO:0034012	4	FAD-linked oxidoreductase activity	28	600	0.1607	0.1607
GO:0016491	3	oxidoreductase activity	292	292	8.0E-4	8.0E-4
GO:0001512	4	dihydroxyacetone phosphate acyl transferase activity	9	157	0.1607	0.1607
GO:0003826	4	alpha/beta hydrolase fold domain containing protein activity	9	292	0.2412	0.2412
GO:0004497	4	monooxygenase activity	68	68	0.3891	0.3891
GO:0005188	4	thiamine monophosphate kinase activity	1	1	0.2412	0.2412

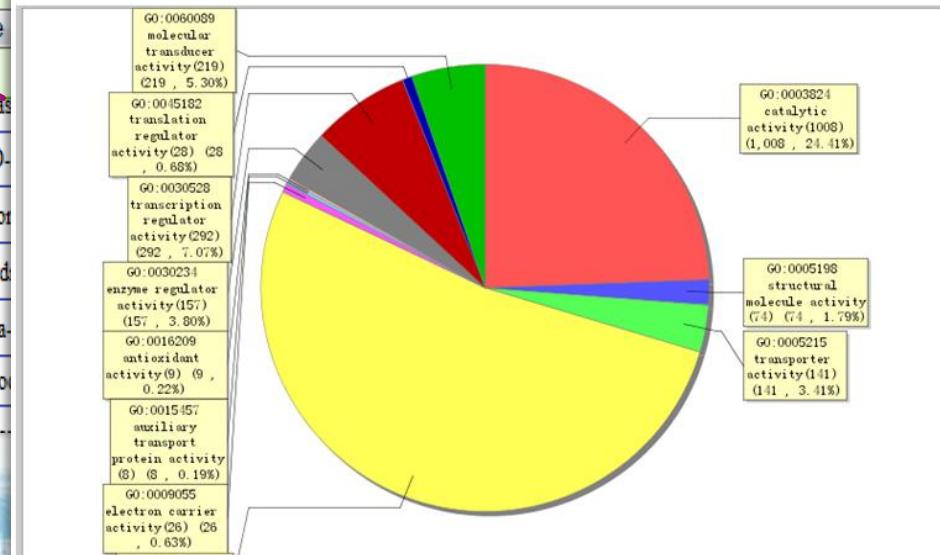
Draw Pie Picture

Hits Threshod: 5

Width: 800

Height: 600

[Draw](#) [Close](#)



● GO:0003824 catalytic activity(1008) ● GO:0005198 structural molecule activity(74)

● GO:0005215 transporter activity(141) ● GO:0005488 binding(2167) ● GO:0009055 electron carrier activity(26)

Gene to Pathway



伯豪生物
SHBIO



Results

1. [Abstract](#)
2. [Chromosome Location](#)
3. [Probe To GoTerm](#)
4. [GoTerm To Probe](#)
5. [Gene to Pathway](#)
6. [Pathway to Gene](#)
7. [Interaction Picture](#)
8. [Protein Interaction](#)
9. [Gene To Promoter](#)
10. [Gene To Transfactor](#)



Gene to Pathway [Download genepathway.htm.csv](#)

	ProbeId	GeneId	Symbol	PathwayID	pathwayname	pathwaydb
1.	A_23_P100022	9899	SV2B	hsa04512	ECM-receptor interaction	kegg
2.	A_23_P100341	23594	ORC6	hsa04110	Cell cycle	kegg
3.	A_23_P100392	6923	TCEB2	200031	PID HIF-2-alpha transcription factor network	NCI-Nature
4.	A_23_P100392	6923	TCEB2	200128	PID Hypoxic and oxygen homeostasis regulation of HIF-1-alpha	NCI-Nature
5.	A_23_P100392	6923	TCEB2	500337	PID Formation of HIV-1 elongation complex containing HIV-1 Tat	NCI-Nature
6.	A_23_P100392	6923	TCEB2	500347	PID Vif-mediated degradation of APOBEC3G	NCI-Nature
7.	A_23_P100392	6923	TCEB2	500425	PID Formation of RNA Pol II elongation complex	NCI-Nature
8.	A_23_P100392	6923	TCEB2	hsa04120	Ubiquitin mediated proteolysis	kegg
9.	A_23_P100392	6923	TCEB2	hsa05200	hsa05200	kegg
10.	A_23_P100392	6923	TCEB2	hsa05211	Renal cell carcinoma	kegg
11.	A_23_P100499	79641	ROGDI			
12.	A_23_P100576	5691	PSMB3	hsa03050	Proteasome	kegg

增加新的数据库NCI-Nature（针对人类细胞信号通路），尤其是癌症进程研究和治疗。

Pathway to Gene



伯豪生物
SHBIO



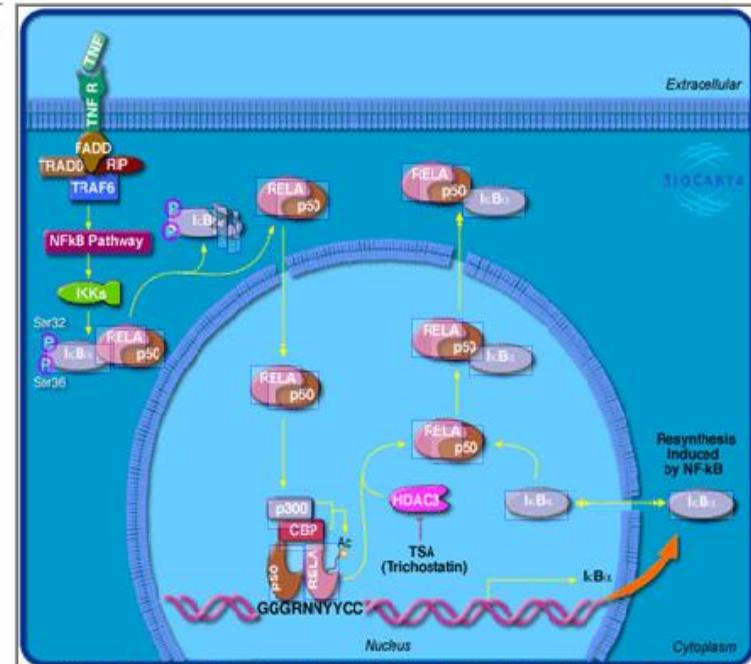
Results

1. [Abstract](#)
2. [Chromosome Location](#)
3. [Probe To GoTerm](#)
4. [GoTerm To Probe](#)
5. [Gene to Pathway](#)
6. [Pathway to Gene](#)
7. [Interaction Picture](#)
8. [Protein Interaction](#)
9. [Gene To Promoter](#)
10. [Gene To Transfactor](#)

NCI-Nature KEGG Biocarta

PathwayDB: ▾ Hits threshold: 1 pvalue <= Set Filter Cancel Filter [Download CSV](#)

PathwayDB	Name
1. Biocarta	?arrestins in GPCR D
2. Biocarta	Acetylation and Deacetylation of RelA in The Nucleus
3. Biocarta	Actions of Nitric Oxide
4. Biocarta	Activation of Csk by Protein Kinase Inhibition of the T Cell Receptor
5. Biocarta	Activation of PKC through a G protein-coupled receptor
6. Biocarta	Acute Myocardial Infarction
7. Biocarta	ADP-Ribosylation Factor Signaling
8. Biocarta	Agrin in Postsynaptic



注：如需保存图片，请在图片上点击右键，选择“图片另存为”，保存的图片不带有标注。点击标注区域可以查看基因。

Interaction Picture



Results

Interactor Picture

GeneID
9899
23594
147111

作图的方向

作图模式

GeneId: DB: HPRD & MINT ▾ Hits Threshold: 1 Direct: TD ▾ Layout Engine: dot **Draw**

1. Abstract
2. Chromosome Location
3. Probe To GoTerm
4. GoTerm
5. Gene to Pathway
6. Pathway
7. Interactor
8. Protein Interaction
9. Gene To Gene Interaction
10. Gene To Disease

NCBI Resources How To

Gene: Gene Advanced

Display Settings: Full Report

ORC6 origin recognition complex, subunit 6 [

Gene ID: 23594, updated on 13-Mar-2014

Summary

Official Symbol: ORC6L
Official Full Name: ORC6L
Primary source: HPRD
See related: Protein_Protein_Interactions

Interactor											
SourceDB	Categorization	A GeneId	A Symbol	B GeneId	B Symbol	A Refseq	B Refseq	ExperimentType	ReferenceId	MintID	
HPRD	Protein_Protein_Interactions	23594	ORC6L	4999	ORC2L	NP_055136.1	NP_006181.1	in vitro;in vivo	11323433		

Gene type: protein coding
RefSeq status: REVIEWED
Organism: Homo sapiens

```
graph TD; 23594[23594 ORC6L] --- MCM5; 23594 --- 5000[5000 ORC4L]; 23594 --- 4173[MCM4]; 23594 --- 9899[9899 SV2B]; 23594 --- 6857[6857 SYT1]; 23594 --- 4171[MCM2]; 23594 --- 4175[MCM6]; 23594 --- 4999[4999 ORC2L]; 23594 --- 23595[23595 ORC3L]; 23594 --- 990[CDC6]
```

Protein Interaction



伯豪生物
SHBIO



Results

1.	Abstract
2.	Chromosome Location
3.	Probe To GoTerm
4.	GoTerm To Probe
5.	Gene to Pathway
6.	Pathway to Gene

Protein Interaction

	ProbeId	GeneId	Symbol	Complexes Count
1.	A_23_P100022	9899	SV2B	1

Interactor

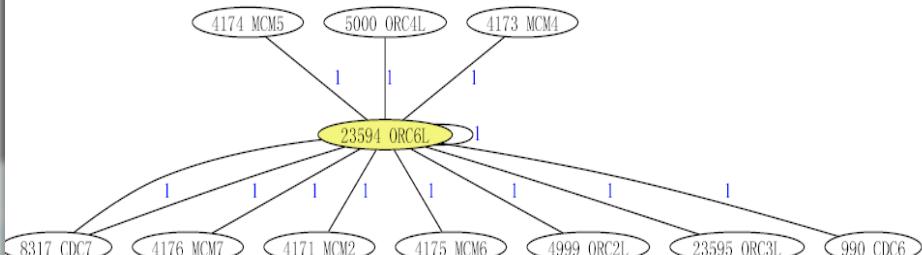
SourceDB	Categorization	A GeneId	A Symbol	B GeneId	B Symbol	A Refseq	B Refseq	ExperimentType	ReferenceId	MintID
HPRD	Protein_Protein_Interactions	5000	ORC4L	23594	ORC6L	NP_002543.2	NP_055136.1	in vitro	15232106	

4.	A_23_P100499	79641	ROGDI	2
5.	A_23_P100576	56	Interactor	Draw Picture
6.	A_23_P100711	53		

Genelid: 23594 DB: HPRD & MINT Hits Threshold: 1 Direct: TD Layout Engine: dot

蛋白复合物关系图
注:1. 浏览器显示图形需要安装SVGViewer, [>>下载](#)
2. 按ALT键, 可以拖动图片。右键菜单可以放大或缩小图片

	A Geneid	A Symbol	B Geneid	B Symbol	HPRD Count	MINT Count	Total
1	5000	ORC4L	23594	ORC6L	1	0	1
2	4174	MCM5	23594	ORC6L	1	0	1
3	23594	ORC6L	4175	MCM6	1	0	1
4	8317	CDC7	23594	ORC6L	1	0	1
5	23594	ORC6L	4176	MCM7	1	0	1
6	23594	ORC6L	23595	ORC3L	1	0	1
7	23594	ORC6L	4999	ORC2L	1	0	1
8	23594	ORC6L	8317	CDC7	0	1	1
9	23594	ORC6L	4171	MCM2	1	0	1
10	4173	MCM4	23594	ORC6L	1	0	1
11	23594	ORC6L	990	CDC6	1	0	1
12	23594	ORC6L	23594	ORC6L	1	0	1



Gene to promoter



伯豪生物
SHBIO



Results

1. [Abstract](#)
 2. [Chromosome Location](#)
 3. [Probe To GoTerm](#)
 4. [GoTerm To Probe](#)
 5. [Gene to Pathway](#)
 6. [Pathway to Gene](#)
 7. [Interaction Picture](#)
 8. [Protein Interaction](#)
 9. [Gene To Promoter](#)
 10. [Gene To Transfactor](#)

Gene To Promoter

[Download GeneToPromoter.htm.csv](#)

Gene to transfactor



Results

1. [Abstract](#)
2. [Chromosome Location](#)
3. [Probe To GoTerm](#)
4. [GoTerm To Probe](#)
5. [Gene to Pathway](#)
6. [Pathway to Gene](#)
7. [Interaction Picture](#)
8. [Protein Interaction](#)
9. [Gene To Promoter](#)
10. [Gene To Transfactor](#)

 [Download](#)

Notes:
Some functions are not available
on local machine after download.

Gene To Transfactor [Download GeneToTransfactor2.htm.csv](#)

	ProbeId	GeneId	Symbol	SwissprotID	Pathway	TaxID
757.	A_23_P250294					
758.	A_23_P25030					
759.	A_23_P250313					
760.	A_23_P250478					
761	A_23_P250561					

TF Regulated Gene

	TaxID	TF Symbol	Target Gene	GeneType	Score
1.	9606	CLASP1	LPP	transcription factor	0.0497718
2.	9606	CNOT2	LPP	transcription factor	0.064743
3.	9606	DDX59	LPP	transcription factor	0.061071
4.	9606	EEF1B2	LPP	transcription factor	0.0437719
5.	9606	FBXW12	LPP	transcription factor	0.0684515
6.	9606	KLC1	LPP	transcription factor	0.0709264
7.	9606	MBNL2	LPP	transcription factor	0.0471394
8.	9606	NUMBL	LPP	transcription factor	0.0595856
9.	9606	PHC3	LPP	transcription factor	0.0541839
10.	9606	PHKB	LPP	transcription factor	0.0476756
11.	9606	RERE	LPP	transcription factor	0.043196
12.	9606	RPL26L1	LPP	transcription factor	0.0498013
13.	9606	SBF2	LPP	transcription factor	0.0471468

TF Regulated Gene

	TaxID	TF Symbol	Target Gene	GeneType	Score
1.	9606	LPP	ADAM33	normal gene	0.049833
2.	9606	LPP	ATF7IP	normal gene	0.0635355
3.	9606	LPP	ATP8B1	normal gene	0.066178
4.	9606	LPP	BAD	normal gene	0.04425
5.	9606	LPP	BNIP1	normal gene	0.0428158
6.	9606	LPP	BTBD9	normal gene	0.0668847
7.	9606	LPP	C14orf44	normal gene	0.0652058
8.	9606	LPP	C17orf39	normal gene	0.0473105
9.	9606	LPP	C4orf28	normal gene	0.0445513
10.	9606	LPP	C8orf33	normal gene	0.0434671
11.	9606	LPP	CAPN7	normal gene	0.0470654
12.	9606	LPP	CAPZA2	normal gene	0.0432406
13.	9606	LPP	CBR4	normal gene	0.0585709
14.	9606	LPP	CDC2L5	normal gene	0.0676618
15.	9606	LPP	CEPT1	normal gene	0.0439629
16.	9606	LPP	CLASP1	transcription factor	0.0497718
17.	9606	LPP	CMBL	normal gene	0.0645882

9606	41	26
9606	135	26
7 9606	13	13

miRNA靶基因预测



伯豪生物
SHBIO

首页 | 芯片分析 | 分子注释 | 我的数据 | 站内消息

分子注释 隐藏 / 显示 参数设置

1, 输入注释文件

个人信息

Results

1. Probe To miRNA

Download

Notes:
Some functions are not available on the local machine after download.
Result files save on the server for one month. After then if you need them, please run again.

Probe To miRNA

12.	hsa-miR-1241-5p	
13.	hsa-miR-125b-5p	
14.	hsa-miR-1267	MIMAT000591
15.	hsa-miR-1271-5p	
16.	hsa-miR-1273c	MIMAT001501
17.	hsa-miR-1273d	MIMAT001509
18.	hsa-miR-128	MIMAT000042
19.	hsa-miR-1285-3p	
20.	hsa-miR-129-1-3p	
21.	hsa-miR-1307-3p	
22.	hsa-miR-1307-5p	
23.	hsa-miR-130b-3p	
24.	hsa-miR-133b	MIMAT000071
25.	hsa-miR-135b-5p	
26.	hsa-miR-136-3p	
27.	hsa-miR-139-3p	MIMAT0004552
28.	hsa-miR-140-3p	MIMAT0004597
29.	hsa-miR-140-5p	MIMAT0000431

Systematic name :
hsa-let-7a-3p
hsa-miR-1
hsa-miR-100-5p
hsa-miR-101-3p

Group by Info

	TAXID	mirna_name	gene_id	EBI	micromat	TargetScan
1.	9606	hsa-miR-140-5p	80775	2	1	1
2.	9606	hsa-miR-140-5p	10018	1	2	1
3.	9606	hsa-miR-140-5p	150572	1		1
4.	9606	hsa-miR-140-5p	9801	1		
5.	9606	hsa-miR-140-5p	165545	1		
6.	9606	hsa-miR-140-5p	56287	1		
7.	9606	hsa-miR-140-5p	5013	1	1	1
8.	9606	hsa-miR-140-5p	9736	1	2	
9.	9606	hsa-miR-140-5p	51130	1		
10.	9606	hsa-miR-140-5p	90423	2	1	1
11.	9606	hsa-miR-140-5p	51626	1		
12.	9606	hsa-miR-140-5p	57448	1	1	1
13.	9606	hsa-miR-140-5p	9553	3		

需要了解更多？请访问shbio



Baidu 百度

新闻 网页 贴吧 生物服务在线

Google 谷歌

生物服务在线 Google 搜索 手气不错 高级设置

Google 谷歌

生物服务在线 Google 搜索

网页 打开百宝箱... 搜索 生物

生物服务在线eBioService—生物芯片全面解决方案，表达谱芯片，小RNA...
SBC技术服务热线：800-820-5086、400-880-5086、021-51320268 ... 系统的生物学研究解决方案 - 向伯豪用户开放在线分析系统 - 基于GeneTitan系统的解决方案 ...

www.ebioservice.c Baidu 百度 生物服务在线

把百度设为主页

生物服务在线eBioService—生物芯片全面解决方案，表达谱芯片...
SAS系统入口 SAS教程及相关文件下载 每日一文 芯片服务FAQ 在线咨询 SBC技术...生物学研究解决方案 - 系统的生物学研究解决方案 - 向伯豪用户开放在线分析系统 ...

www.ebioservice.com/ 2010-3-11 - 百度快照

生物在线 - 生命科学专业网，试剂，仪器，抗体，耗材，书籍，软件。
生物在线，生物谷网站旗下生物科研服务专业平台，生物在线围绕生物医药科研和开发领域，提供从各种仪器，试剂，耗材等产品，到技术服务方案等综合服务体系
www.bion.com.cn/ 2010-3-19 - 百度快照

生物服务在线 ebioservice

SBC公司网站 | ShanghaiBio | 联系我们
技术服务热线：800-820-5086 400-880-5086

用我们的平台 加速您的研究

研究进展 >更多

- 每日一文 (2011)
- 最新研究解析LTL相关SNPs
- Science：科学家完成水稻基因组测序
- Sigma将在SOLID上测序6个大鼠品系
- 《自然》社论关注人类基因组测序

解决方案 >更多

- 生物芯片与新一代测序小贴士
- 系统的生物学研究解决方案
- 生物芯片与第二代测序技术（丁香园答疑帖精选）
- 454测序系统在鉴定血癌上的可靠性
- SOLID 5500新一代测序仪性能大盘点

业界动态 >更多

- Science：大型制药公司削减经费，外包研究
- BD宣布拟收购Accuri Cytometer公司达成协议
- 丹纳赫欲以6.8亿美元收购贝克曼库尔特
- Pacific Biosciences：测序仪上市前的最后冲刺
- PerkinElmer宣布进入DNA测序市场

信息发布 >更多

- 急聘：技术服务销售工程师/二代测序实验员
- SBC Analysis System (SAS系统) 教程更新
- 内科血液学家王振义获2010年度国家最高科学技术奖
- 中国科学院上海高等研究院今入驻浦东科技园
- 上海伯豪北京办事处迁址通知

登录SAS系统 在线咨询 用户专区

上海伯豪生物平台简介 >更多

上海伯豪生物技术有限公司
SBC物种芯片服务平台

www.ebioservice.com

技术服务热线：

800-820-5086 / 400-880-5086



伯豪生物
SHBIO

謝謝各位支持！