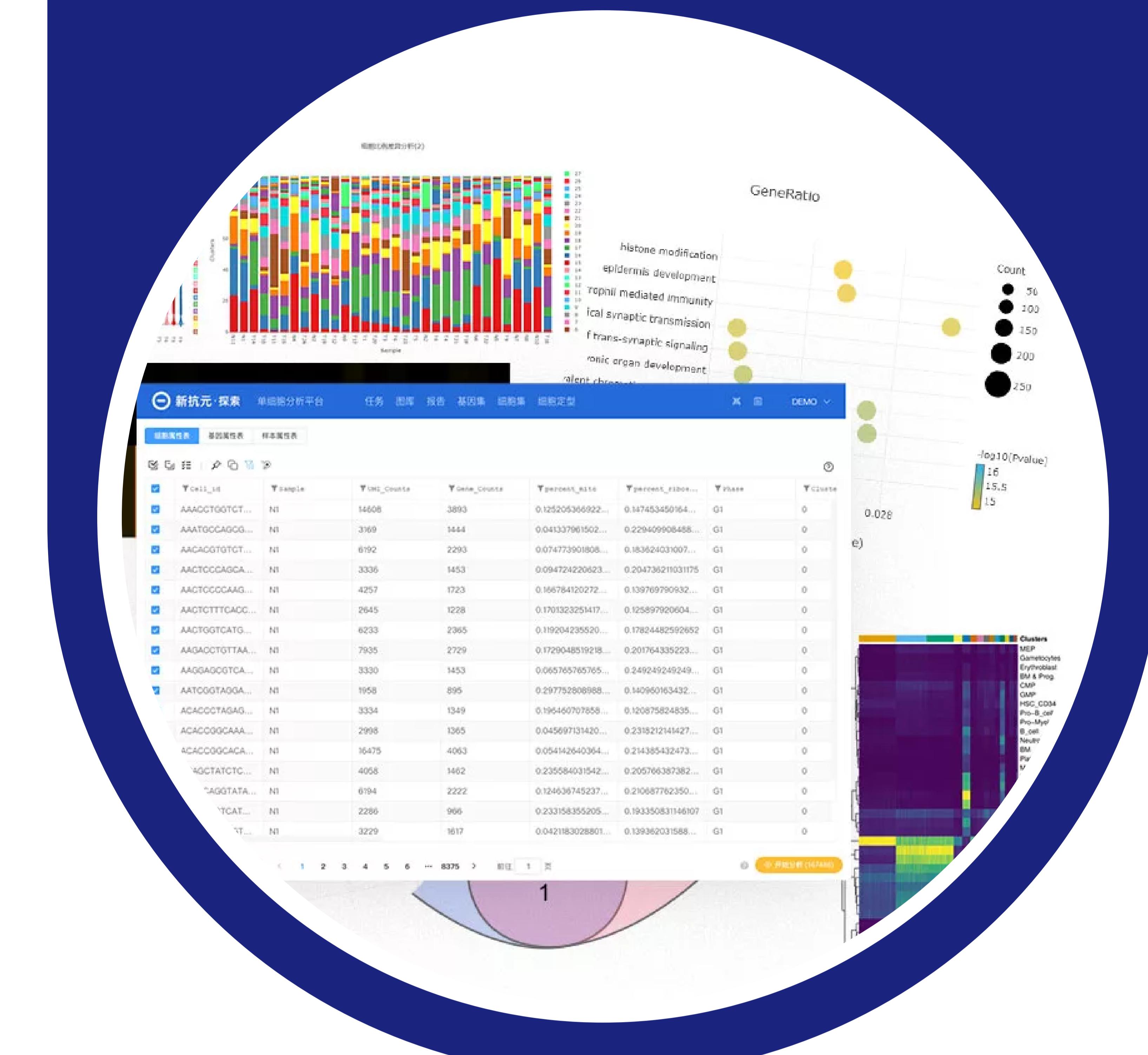


SCRNA

联系方式



邮箱: 1624681202@qq.com
网址: www.scrna.net
电话: 13716773764



SCRNA

单细胞转录组数据挖掘平台

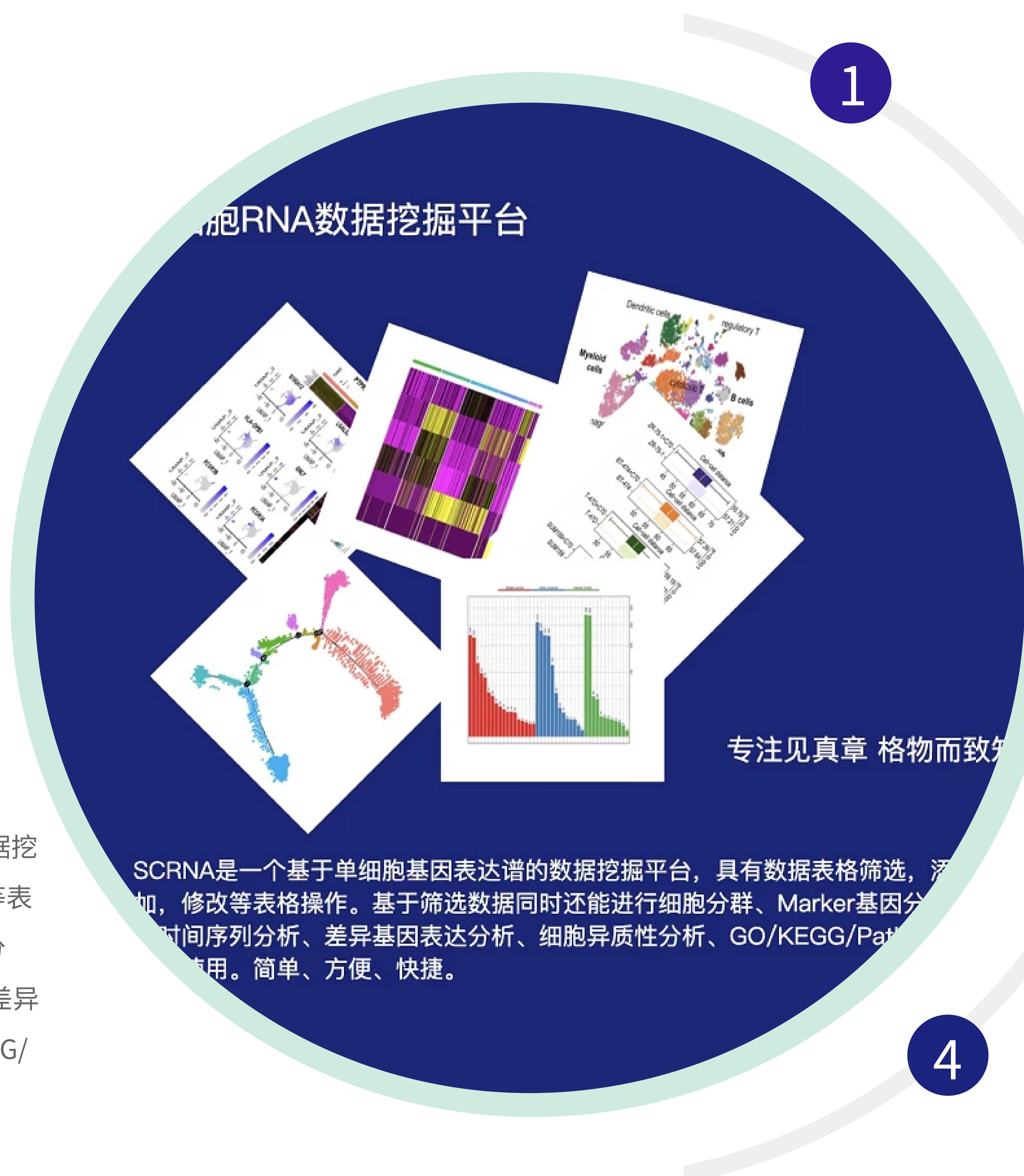
专注见真章
格物而致知

产品目录

Product catalog

产品介绍

SCRNA是一个基于单细胞基因表达谱的数据挖掘平台，具有数据表格筛选，添加，修改等表格操作。基于筛选数据同时还能进行细胞分群、Marker基因分析、拟时间序列分析、差异基因表达分析、细胞异质性分析、GO/KEGG/Pathway等工具使用。简单、方便、快捷。



数据属性

SCRNA基于基因表、细胞表格进行数据展示。可以在表格数据中进行自主增删改查。

工具类型

SCRNA具有8个细胞工具以及6个基因工具。支持自主筛选数据使用。

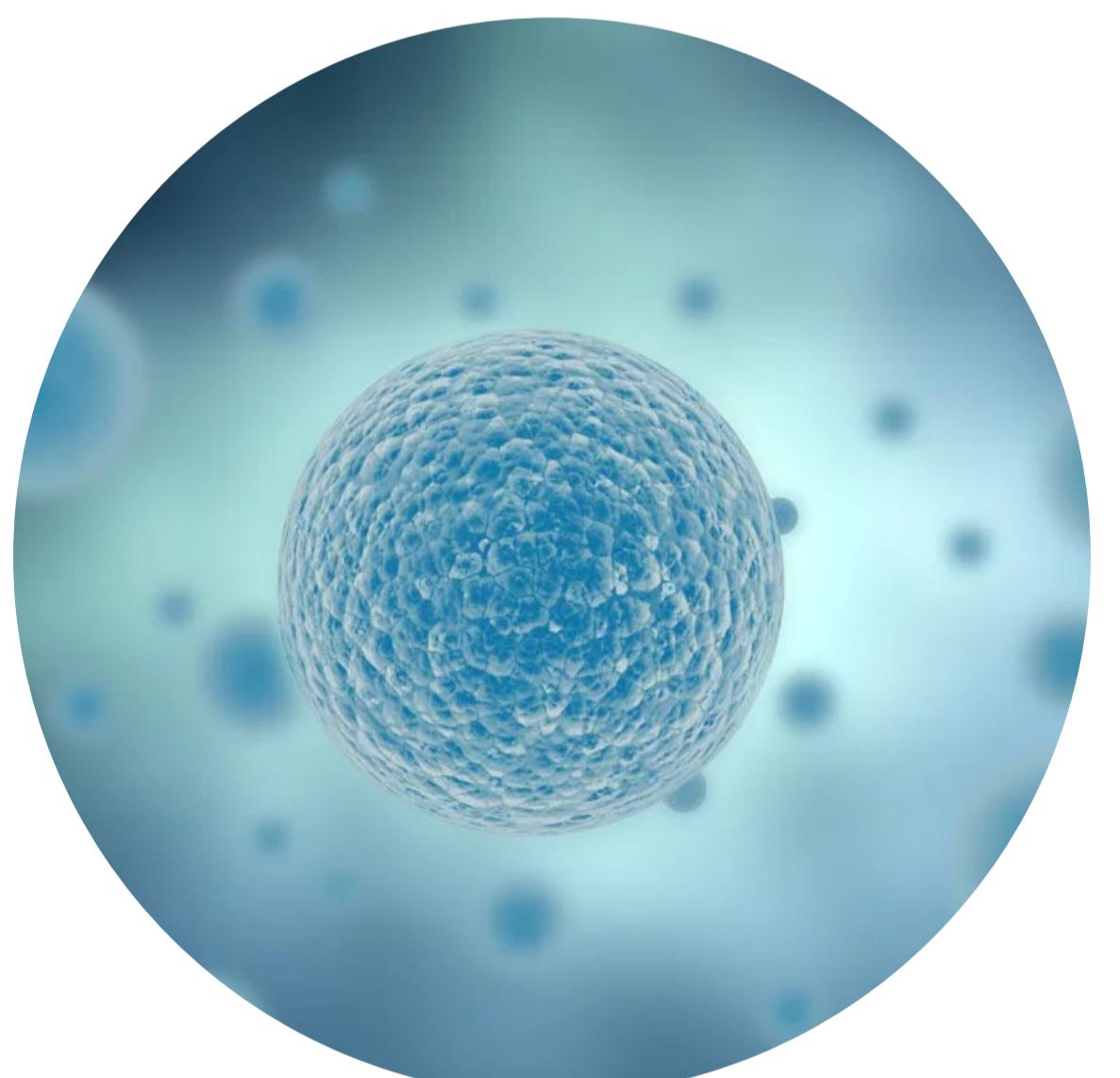
流程使用

自主性、灵活性。针对数据进行查找，数据对比，组合数据操作等功能。.

功能模块

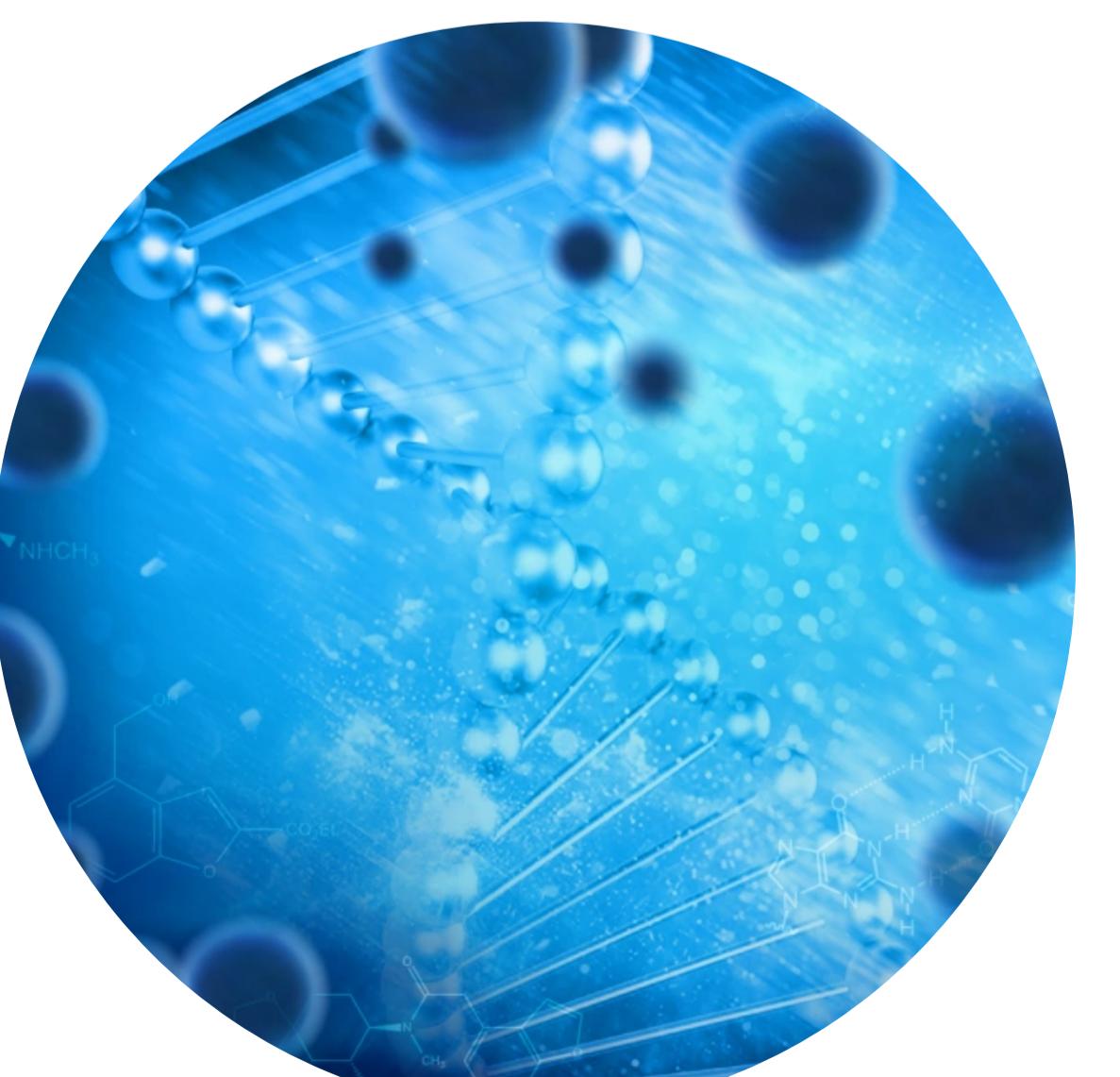
SCRNA集成了细胞集、基因集、图库保存以及辅助定型查找Marker基因等模块。

数据属性 Data



细胞属性表

细胞属性表保存细胞定型之后样本信息、细胞ID、Cluster分群信息、TSNE、UMAP坐标信息、细胞类型等数据。支持在表格中增删改查功能以及保存为细胞集功能。



基因属性表

基因属性表保存并显示所有基因在每个细胞里面定量信息，以及平均每一个Cluster分群和sample样本信息表达值。支持在表格中增删改查功能以及保存为基因集功能。

<input checked="" type="checkbox"/>	Cell_id	Sample	Clusters	TSNE_1	TSNE_2	UMAP_1	UMAP_2	CellType_singleR
<input checked="" type="checkbox"/>	AAACCCACAGAGTTGG_3	pbmc_10k	0	-2.8326545260647595	-36.7154230836201	-9.43416690826416	-3.52843189239502	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAACGAAAAGACGTCGA_3	pbmc_10k	0	1.04014967971597	-23.7713570177605	-8.31646251678467	-1.74902296066284	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAACGCTAGAGGTTA_3	pbmc_10k	0	4.271585134599411	-25.5986358740573	-8.54772567749023	-1.5885186195373502	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAACGCTAGGTAAAC_3	pbmc_10k	0	15.7706377391923	-26.755609514570605	-10.0690450668335	-0.234100878238678	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAACGCTGTCTACATG_3	pbmc_10k	0	15.598565961607198	-30.8931991717939	-10.5335817337036	-0.21012885868549303	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGATAGCAGTAAT_3	pbmc_10k	0	2.63953201362441	-23.410315219782802	-8.051418304443361	-0.98280784679565	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGATAGTGAATAC_3	pbmc_10k	0	7.7112618777291795	-21.569251081357002	-8.77003288269043	-0.42822650074958796	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGATGTCGGTGAA_3	pbmc_10k	0	11.0795858414769	-24.931566223400196	-8.73115062713623	-1.13408863544464	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGATTCTAACAG_3	pbmc_10k	0	-0.150036650107444	-24.6641685781789	-7.6823263168335	-1.8694138526916497	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGATTCTTGCAT_3	pbmc_10k	0	4.25382578106923	-25.6560204452755	-8.50988006591797	-1.69520246982574	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGGCTCTCCACG_3	pbmc_10k	0	-0.8360040255095	-22.464189701897396	-7.99142122268677	-1.58024489879608	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGGTAAGGGTCACA_3	pbmc_10k	0	-7.349561348283889	-28.648585103120798	-8.016270637512209	-3.28654813766479	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTCCAAGTGGTG_3	pbmc_10k	0	-6.400101462814191	-20.373521049104102	-7.368646144866941	-1.16279673576355	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTCCGTCGAAACG_3	pbmc_10k	0	5.16111849625324	-20.3152383541488	-8.013185501098631	-0.813489019870758	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTCGTTGGTTA_3	pbmc_10k	0	-5.27439314741005	-30.538003158365303	-8.53807640075684	-3.34788131713867	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTGAAAGGTGGCT_3	pbmc_10k	0	6.81016870167787	-34.9931745522032	-9.890692710876461	-1.85989320278168	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTGAAAGGTACATA_3	pbmc_10k	0	7.21504651198094	-34.726175042697896	-10.233715057373	-1.94583582878113	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAAGTGATCGAAGTGG_3	pbmc_10k	0	-3.22756287493779	-36.5450053235851	-9.93792629241943	-3.21386051177979	Monocyte
<input checked="" type="checkbox"/>	AAATGGACATGAAGCG_3	pbmc_10k	0	-9.55028942851092	-29.749641725268397	-7.7483210563659695	-3.50756168365479	Monocyte

共 14508 条 20 < 1 2 3 4 5 6 ... 726 > 前往 1 页

开始分

特点

- 1、支持自定义数据。如cluster、sample等。
- 2、支持合并数据分析。
- 3、支持筛选、增加、删除、查询数据等功能。
- 4、支持表格固定、隐藏、保存等功能。
- 5、支持所有平台单细胞RNA数据。

工具类型

SCRNA系统集合8个细胞工具、6个基因工具。每个工具都可以针对不同的数据进行分析以及重分析。

细胞工具

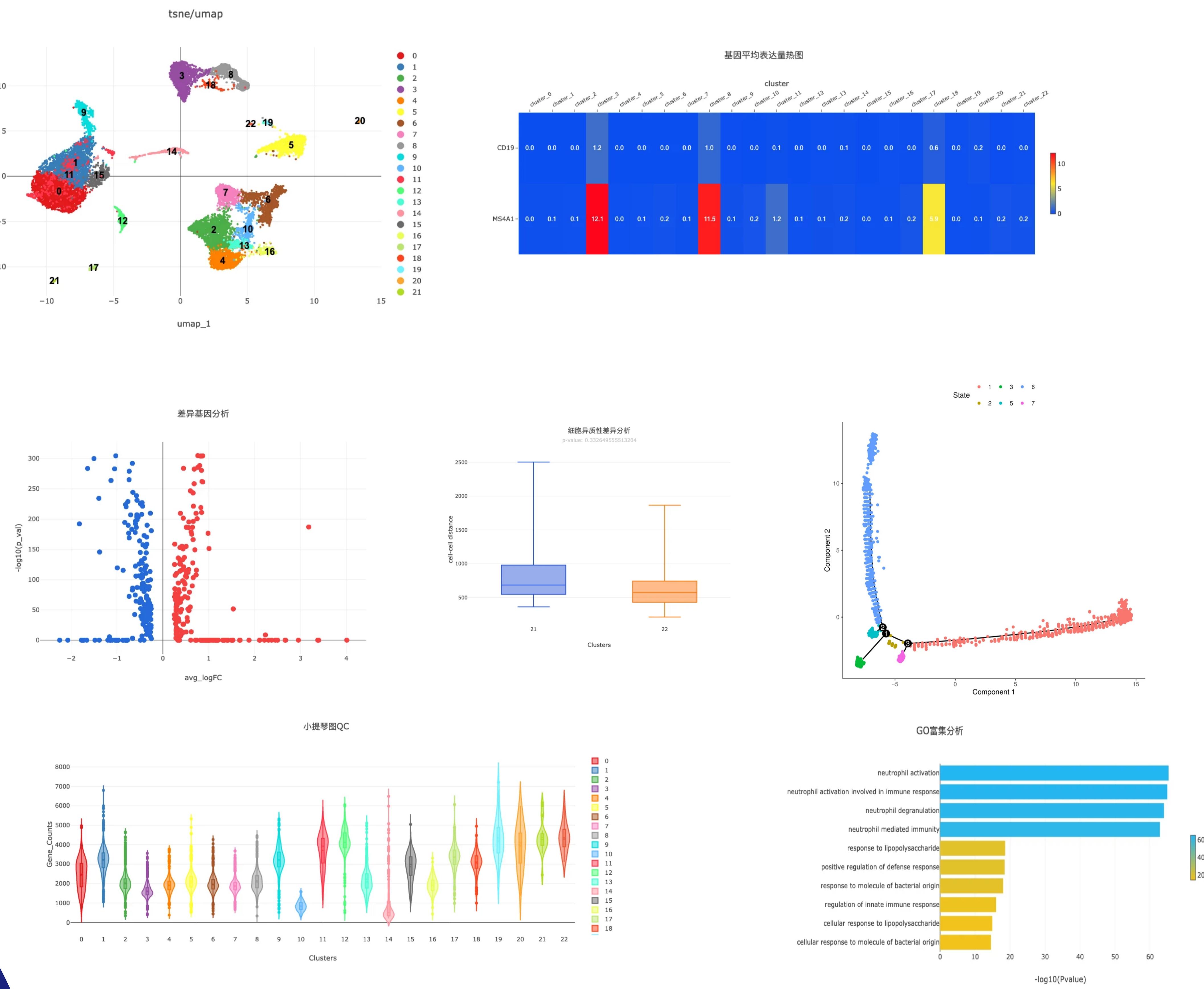
- 小提琴QC 使用小提琴图展示各类细胞的QC分布。
- tsne/umap 降维散点图显示样本、聚类、QC等信息。
- 差异基因分析 指定不同类或者不同样本进行差异基因分析。
- 细胞异质性差异分析 所有细胞两两间的欧式距离分布。
- 细胞比例差异分析 比较样本或分组之间细胞比例差异。
- 细胞轨迹分析 伪时间排序,构建细胞拟时间序列轨迹。
- 基因表达筛选 根据基因表达值筛选细胞。
- 聚类 重新聚类所选定细胞。

基因工具

- GO富集分析 clusterProfiler对所选基因进行GO富集分析。
- KEGG富集分析 clusterProfiler对所选基因进行KEGG富集分析。
- marker基因表达热图 热图展示基因在亚群或样本中的表达。
- marker基因表达小提琴图 小提琴图展示基因在亚群或样本中表达。
- marker基因表达散点图 降维散点图展示所选基因在每个细胞表达。
- 基因平均表达量热图 热图展示所选基因在各亚群或样本中平均表达。

Tools

结果展示



专注见真章

格物而致知

使用流程

SCRNA平台在数据表使用上拥有自主性、灵活性两大特点。不仅可以针对数据进行查找，还可以针对数字性质的数据进行排序，数据对比等功能。更可以组合性进行数据操作。



制备数据

将各个平台如:10X、C4等原始数据，分析成为单细胞表达矩阵并上传到系统中。



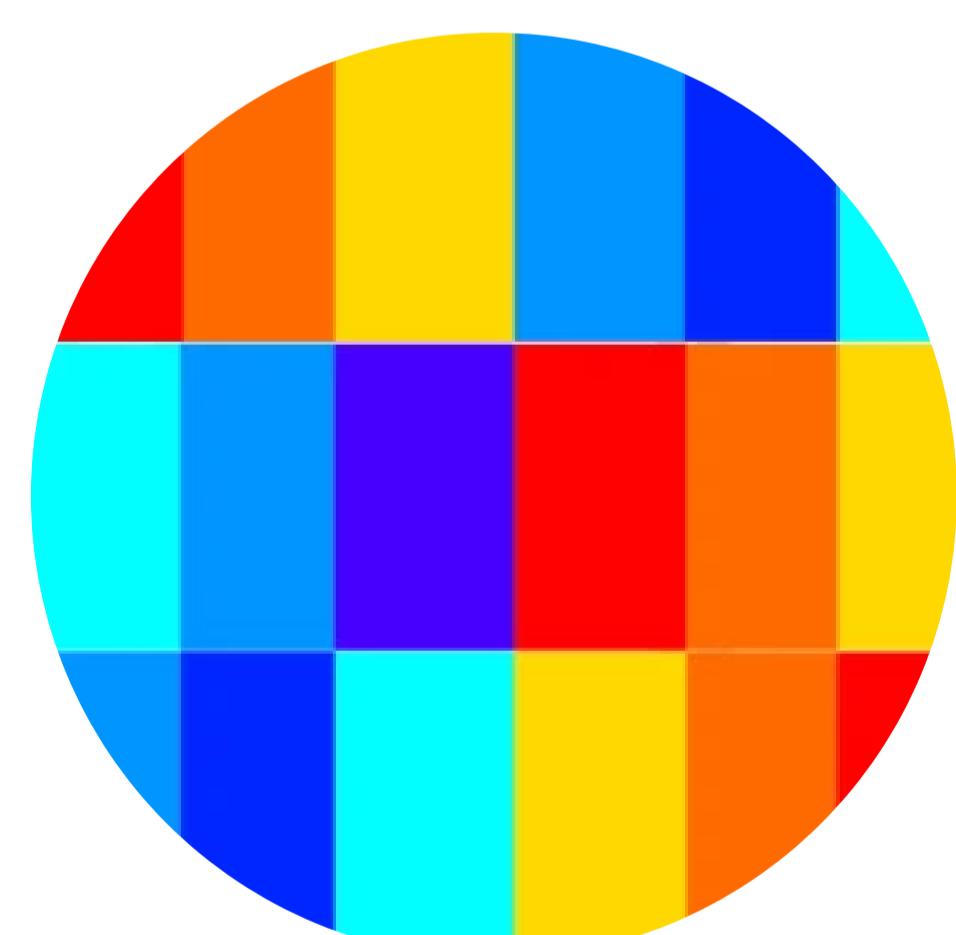
筛选数据

在数据属性表中进行数据合并、筛选、删除、修改名称等操作，选出想要进行的分析数据。



选择工具

将选择好的数据、选择相应的工具进行分析。每个工具都会生成相应的任务并提交后台分析。



查看结果

任务完成之后点击查看任务，生成相应的图标结果，并可以在结果中进行调色和修改名称。

流程使用

SCRNA平台兼容各个平台的单细胞转录组数据。不仅现有数据表格可以进行增删改查以及合并、筛选数据。还可以在每个工具生成的结果之后生成相应可视化展示图片。每个工具产生的结果图片均可以调色、大小更改、名称更改、样本展示顺序等。

专注单细胞转录组

功能模块

Function

简介

常规流程分析报告，包含多样本和单样本分析结果。包含数据过滤质控、细胞聚类分析、亚群细胞差异分析、亚群差异表达（Marker）基因筛选、亚群差异表达基因GO富集分析、亚群差异表达基因Pathway富集分析、细胞类型注释、细胞轨迹分析、细胞互作分析等。

任务模块记录每个工具提交任务运行时间、备注、运行状态、工具名称、细胞类型以及可以随时随地查看运行结果可视化界面。

 **报告** 图库模块存储每个工具所产生的图片，图库功能中有多列显示功能，旨在对比所保存的图片。

 **基因集** 基因集模块显示每个Cluster分群Marker基因，也可以自定义Marker基因在使用小提琴图、热图等工具时可以使用。多个基因集可以进行交并集查找筛选。

 **细胞集** 细胞集模块保存已选细胞，细胞集之间可以进行交并集查找筛选，并以韦恩图的方式进行可视化。细胞集可以快速选择工具进行数据分析挖掘。

