



Vazyme



诺唯赞 - 生物信息云平台

一站式数据分析解决方案

南京诺唯赞生物科技有限公司
Nanjing Vazyme Biotech Co.,Ltd.

www.vazyme.com

选择诺唯赞生信云平台的 N 个理由

简单、快速、一站式分析平台



云平台分析 VS 企业代分析

比较类别	使用诺唯赞生信云平台分析	送样给企业分析
分析类型	众多流程及工具，任意选择	每次只能选择一个分析流程
项目数量	单个项目可多次进行分析，可自主创建多个项目	单个项目只能分析一次
分析成本	非常低，分析流程 / 工具任意选择，样本数目增加成本不增加	高，分析需求越多成本越高，样本数量越多成本越高
个性化需求	成本非常低，数据众多小工具，满足各种需求	收费，需要沟通，增加时间与金钱成本
分析时长	短	长
项目管理	实时对分析项目进行管理	不具备项目管理功能
文件管理	具备云盘，方便数据文件管理	不具备文件管理功能
分析参数调节	参数支持修改，自定义填写	企业分析流程默认参数，无法查看，无法修改
数据保存时间	永久	有保存时间限制，过期删除

目录

01 背景介绍	6
02 用户管理	6
注册 & 登录	6
信息修改 & 设置	7
03 功能模块介绍	7
满足多数测序下机数据分析的生物信息分析流程	7
利用超过 200 种生物信息学工具进行一键式分析	8
灵活的文件存储管理	9
项目管理功能	9
04 标准流程分析实例—lncRNA 分析	10
创建项目	10
使用说明浏览	11
参数配置	11
启动分析	12
结果下载	12
05 个性化分析实例—植物转录因子注释	13
小工具选择	13
参数填写、运行分析	14
结果下载	15
06 总结	16

01 背景介绍

过去，众多科研以及医疗工作者面对庞大的测序下机数据，无从下手，经常出现手忙脚乱的情况。现在，有了生信云平台，数据分析流程一站式、可视化操作，从此告别手忙脚乱。

诺唯赞生物信息云平台是基因组学计算平台，通过简单的界面参数配置，选一选，点一点，无需编程知识，就可以对数据进行自主分析，简单高效！专业的生物信息研发团队，近乎严苛地注重每一个分析细节，旨在以用户友好的形式直接为研究者提供简化的数据管理和分析测序工具。

02 用户管理

◆ 注册 & 登录

无需账号申请，直接在线免费注册使用

图 1：用户登录界面

◆ 信息修改 & 设置

用户可以查看账户基本信息：用户名、用户类型、邮箱地址、注册时间、本次登录 ip 地址。此外客户还可以对当前账户的密码、邮箱地址进行修改。

◆ 用户信息设置

[基本信息](#) [密码修改](#) [邮箱修改](#)

用户名	vazyme
用户类型	普通用户
邮箱	demo@vazyme.com
注册时间	2019-06-24
登录IP	192.168.9.165

图 2：信息修改界面

03 功能模块介绍

◆ 满足多数测序下机数据分析的生物信息分析流程

诺唯赞生信云平台目前为您提供超过 10 个项目的在线数据分析流程，包括：外显子分析 (Exon-Seq)，全长转录组分析 (Iso-Seq)，lncRNA 分析 (lncRNA-Seq)，circRNA 分析 (circRNA-Seq)、全基因组重测序分析 (WGS)，Small RNA 分析 (smallRNA-Seq)，ATAC 分析 (ATAC-Seq) 等，能够满足多数测序下机数据的分析。

根据需求任意选择创建项目

测序分析流程

流程名称	流程简介	流程版本	开发者	创建时间	创建项目
Chip-Seq	Chip-Seq分析流程	1.0	wangxx	2019.05.19	<button>创建</button>
RNA-Seq	转录组重测序分析流程	1.0	vazyme_hly	2019.05.05	<button>创建</button>
Exon-seq	外显子分析流程	1.0	gengdx	2019.04.26	<button>创建</button>
lncRNA_seq	LncRNA分析流程	1.0	vazyme_hly	2019.04.25	<button>创建</button>
Iso-Seq	全长转录组分析流程	1.0	wangxx	2019.04.11	<button>创建</button>
circRNA-Seq	circRNA分析流程	1.0	weiyz	2019.03.20	<button>创建</button>
DNA-Panel-QC	肿瘤、耳聋Panel测评	1.0	zhkd	2019.03.18	<button>创建</button>
ATAC-Seq	ATAC分析流程	1.0	gengdx	2019.02.26	<button>创建</button>
WGS	全基因组重测序	1.0	gengdx	2019.01.31	<button>创建</button>
smallRNA-Seq	SmallRNA分析流程	1.0	weiyz	2019.01.29	<button>创建</button>

图 3. 10 个分析流程列表

◆ 利用超过 200 种生物信息学工具进行一键式分析

利用诺唯赞生信云平台可以轻松访问和启动生物信息学工具，包括涉及序列处理与分析、格式转换、差异分析、过滤、功能分析、基础绘图、聚类分析、统计检验、组装、表格处理、基因分析、数据提取等方面超过 200 个小工具，支持的应用小工具数量还会持续增长。



图 4. 部分生物信息学小工具列表

◆ 灵活的文件存储管理

诺唯赞生信云平台提供强大、便捷的云盘，方便您对文件、数据进行管理。此外，您可以随时使用云平台提供的流程和工具对云盘中的数据进行分析。



图 5. 文件存储界面

◆ 项目管理功能

当项目创建投递运行之后可实时查看分析进度，同时还可以对项目进行修改、终止、删除等操作。

我的项目

项目编号	应用程序	创建时间	分析进度	编辑/查看 删除操作
RNA-seq-project	RNA-Seq	2019.06.24	未分析	
test_roc3	ROC_curve_draw	2019.06.17	完成	
test_roc_2	ROC_curve_draw2	2019.06.17	完成	
test_PCT	PCT_CHIMERAS	2019.05.31	完成	
test_Merge_gene_position	Merge_gene_position	2019.05.24	完成	
test_Search_seq_from_file	Search_seq_from_file	2019.05.24	完成	
test_Split_seq_file	Split_seq_file	2019.05.23	完成	
test_Remove_seq_intersection	Remove_seq_intersection	2019.05.23	完成	

图 6. 项目管理界面

04 标准流程分析实例—lncRNA 分析

经过 RNA 提取、建库、测序等步骤后，我们得到相应样品的原始测序数据（raw reads），利用从 NCBI（National Center for Biotechnology Information）、UCSC、Ensembl 等数据库上下载下来的相应物种的参考序列，进行生物信息分析。lncRNA 信息分析流程如图所示：

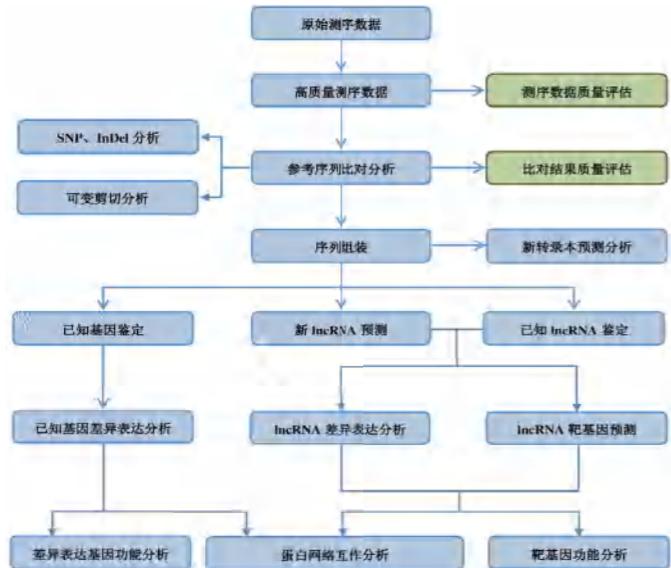


图 7. lncRNA 生信分析流程示意图

点击【创建】选项，进入 lncRNA-Seq 分析界面。

使用程序: lncRNA_seq创建项目			
使用教程	参数配置	项目操作	结果下载
1	lncRNA流程使用说明		

图 9. 创建新的 lncRNA 分析项目界面

◆ 使用说明浏览

点击 lncRNA 分析流程使用教程，进入操作说明阅读界面。



1. 登录及选择流程

登录分析平台以后，在“流程”模块中，选择“lncRNA_seq”流程条目，且点击 **创建项目** 进入项目创建页面：

该页面有4个模块，分别是：使用教程，参数配置，项目操作，结果下载。

- Ø 使用教程：帮助用户熟悉平台流程使用过程
- Ø 参数配置：用户需要根据自己的数据情况，配置相应的分析参数（该部分的具体说明见后面“参数配置说明”）
- Ø 项目操作：待“参数配置”完成以后，即可开始进行项目分析工作
- Ø 结果下载：项目分析完成以后，用户可自行下载分析结果

图 10. IncRNA 分析流程使用手册部分界面

◆ 创建项目

点击导航条上的【流程】按钮，选择流程程序。

流程名称	流程简介	流程版本	开发者	创建时间	创建
ChIP-Seq	ChIP-Seq分析流程	1.0	wangxx	2019.05.19	创建
RNA-Seq	转录组重测序分析流程	1.0	vazyme_hly	2019.05.05	创建
Exon-seq	外显子分析流程	1.0	gengdx	2019.04.26	创建
lncRNA_seq	lncRNA分析流程	1.0	vazyme_hly	2019.04.25	创建
Iso-Seq	全长转录组分析流程	1.0	wangxx	2019.04.11	创建
circRNA-Seq	circRNA分析流程	1.0	weiyz	2019.03.20	创建
DNA-Panel-QC	肿瘤、耳聋Panel测序	1.0	zhkd	2019.03.18	创建
ATAC-Seq	ATAC分析流程	1.0	gengdx	2019.02.26	创建
WGS	全基因组重测序	1.0	gengdx	2019.01.31	创建
smallRNA-Seq	SmallRNA分析流程	1.0	weiyz	2019.01.29	创建

图 8. 分析流程选择

◆ 参数配置

参考 lncRNA 分析流程手册，了解 lncRNA 分析过程，切换选项卡至【参数配置】，根据使用手册提示，填写分析参数。



图 11. LncRNA-Seq 流程
参数配置部分界面

◆ 启动分析

参数配置完成，点击【保存】按钮，跳转到【项目操作】选项卡，点击【立即分析】按钮。



图 12. LncRNA-Seq 流程【项目操作】界面

Vazyme 诺唯赞 LncRNA 测序信息分析结题报告

一、建库测序流程

从RNA样品到最终数据获得，样品检测、建库、测序每一个环节都会对数据质量和数量产生影响，而数据质量又会直接影响后续信息分析的结果。为了从源头上保证测序数据的准确性、可靠性，诺唯赞对样品检测、建库、测序每一个生产步骤都严格把控，从根本上确保了高质量数据的产出。实验建库测序流程如图所示。

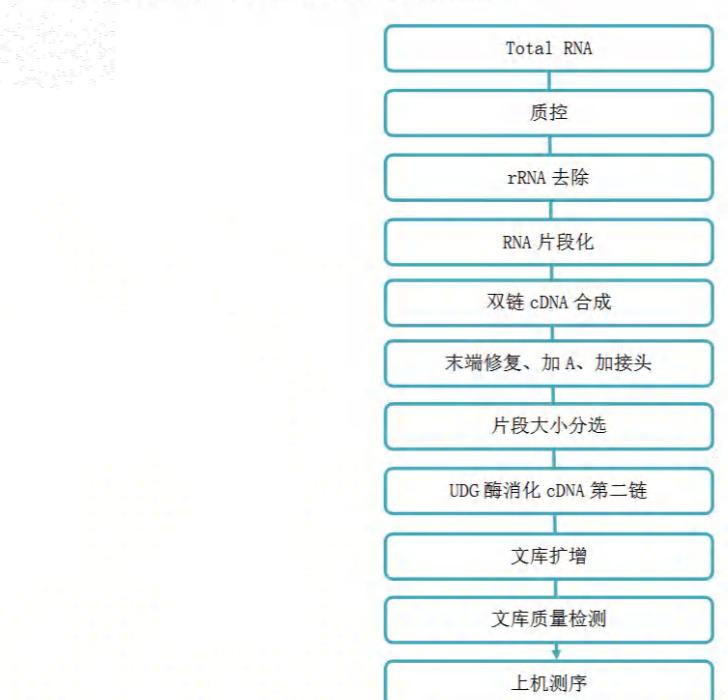


图 13. LncRNA 分析结果网页报告部分截图

◆ 结果下载

分析完成后，切换至【结果下载界面】，下载分析结果的网页报告。

05 个性化分析实例—植物转录因子注释

标准流程分析完后，需要做一些个性化的分析，这时可以选择我们提供的小工具来进行个性化分析。

◆ 小工具选择

在工具分类模块选择小工具的类别—【功能分析】，在工具菜单界面选择【植物转录因子注释】工具。点击小工具图片即可使用。

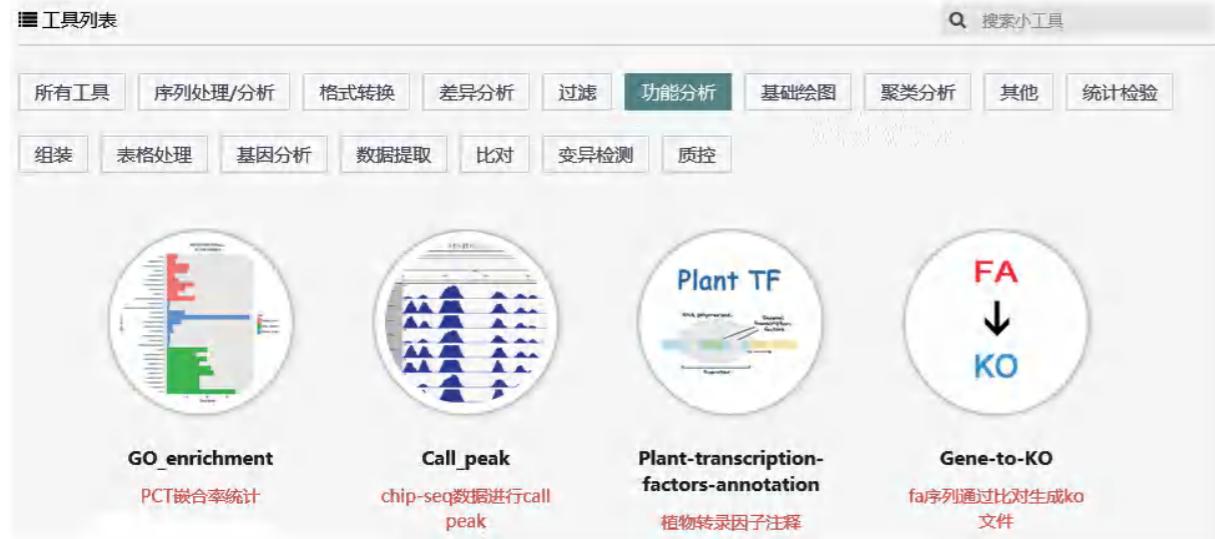


图 14. 小工具部分界面截图

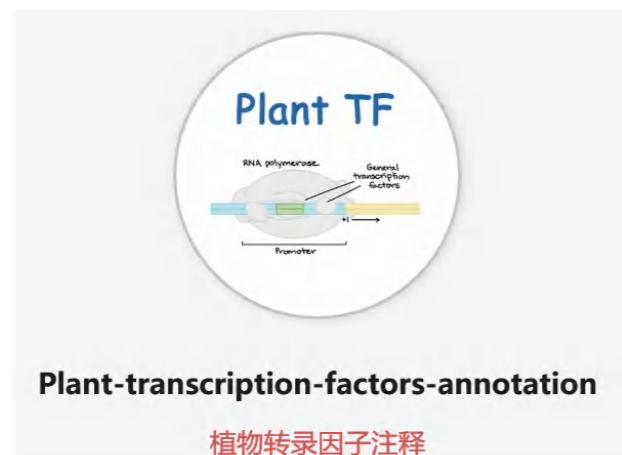


图 15. 转录因子注释工具选项卡

◆ 参数填写、运行分析

根据右侧详细的【使用手册】，填写对应参数，填写完毕，点击【运行分析】。

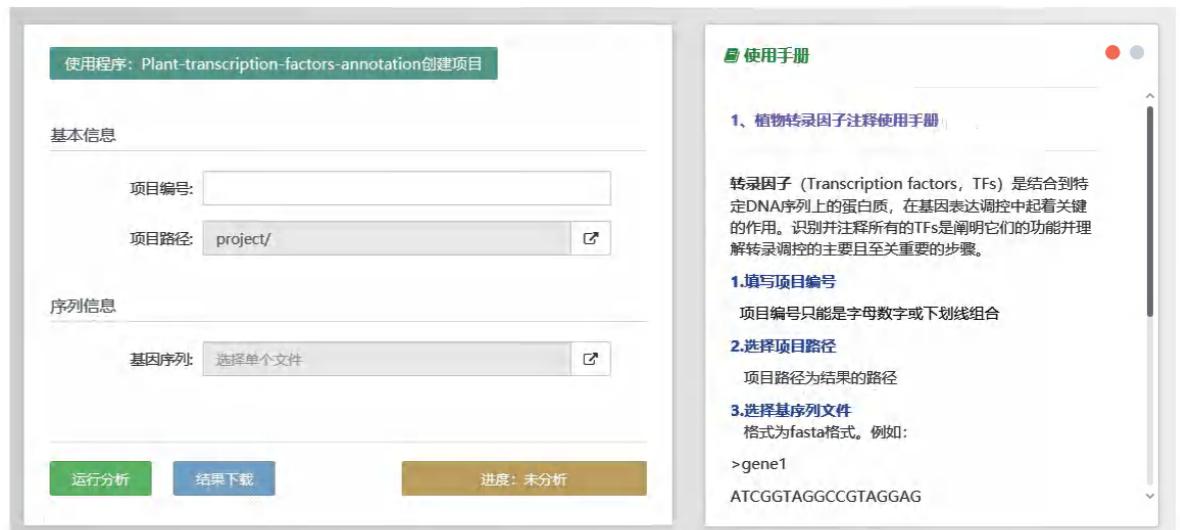


图 16. 转录因子注释工具界面

◆ 结果下载

分析完成之后，点击【结果下载】按钮，下载转录因子注释结果。

The Annotation of Transcription Factor			
#	GeneID	TF_family	TF_annotation
1	ENSMUSG00000029178	zf-C2H2	click me
2	ENSMUSG00000034041	bHLH	click me
3	ENSMUSG00000057469	E2F	click me
4	ENSMUSG00000056749	TF_bZIP	click me
5	ENSMUSG00000009739	Pou	click me
6	ENSMUSG00000022346	bHLH	click me
7	ENSMUSG00000028150	THR-like	click me
8	ENSMUSG00000014859	E2F	click me
9	ENSMUSG00000008398	ETS	click me

图 17. 转录因子注释结果网页展示

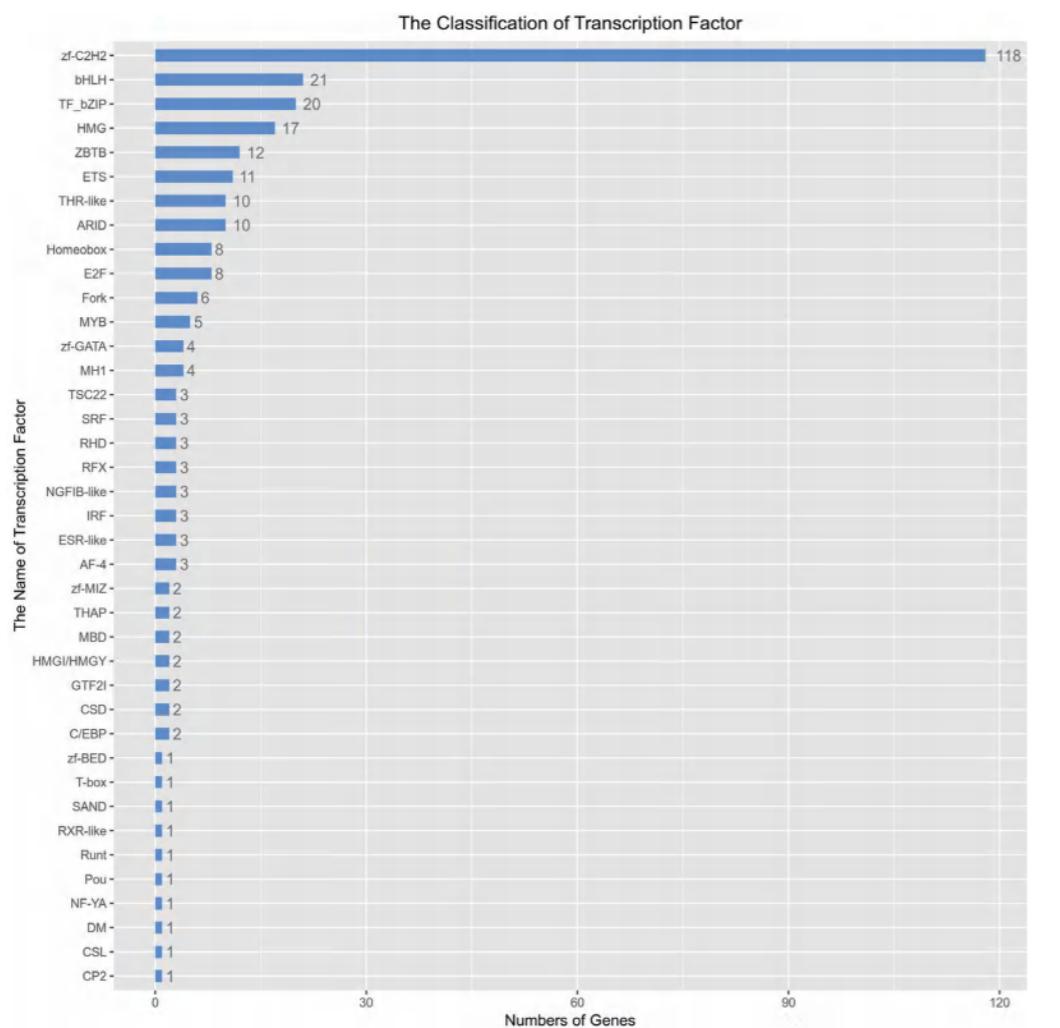


图 18. 基因所属转录因子个数统计

备忘录

06 总结

新一代 NGS 测序改变了生物医学研究的方式和速度。诺唯赞生信云平台通过一系列工具让整个生信分析流程变得灵活便利。

1. 云盘功能：文件新建、复制、移动、删除、大数据上传、下载，检索，批量操作，文件导航、硬盘挂载等；
 2. 项目分析：配置简单、一键启动分析，傻瓜式操作；
 3. 项目管理：具备新建、删除、进度监测功能；
 4. 工具：数目众多的科研数据分析小工具，方便快速进行数据分析；
 5. 分析报告：一键下载分析报告；
 6. 使用：具有详细的帮助文档，帮助文档有视频演示，让使用更加简单；
 7. 用户：可注册，无需账号申请，可供多人使用。

备忘录

备忘录

Vazyme Online

了解更多产品和服务信息, 请登录我们的网站 www.vazyme.com

InnoVation in enzyme technology

南京诺唯赞生物科技有限公司

销售咨询: sales@vazyme.com

技术支持: support@vazyme.com

技术服务: service@vazyme.com

电话: 400-600-9335

网址: www.vazyme.com

地址: 江苏省南京经济技术开发区科创路红枫科技园C2栋

