

# 生信分析服务介绍

上海威奥生物

一站式生物信息学解决方案



# 目录



01. 基础测序数据处理



02. 差异表达分析



03. 功能富集与通路分析



04. 分子互动与调控网络分析



05. 基因组、外显子组相关分析



06. 免疫、肿瘤微环境相关分析



07. 预后模型与机器学习分析



08. 多组学联合分析



09. 可视化与论文图表服务



10. 课题配套服务

# 一、基础测序数据处理

## 原始测序数据质控

执行Fastq质控、去除接头序列及低质量读段，确保后续分析数据的纯净度与可靠性。

## 序列比对与基因组定位

利用BWA、STAR等主流比对工具，将质控后的序列精准定位到参考基因组的对应位置。

## 基因表达定量分析

统计基因或转录本的Count矩阵，并进行TPM/FPKM标准化处理，以准确反映基因表达水平。

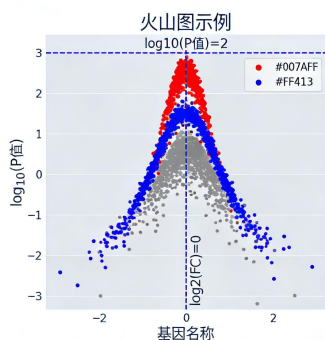
## 样本相关性与批次校正

通过PCA聚类分析评估样本间的生物学重复及相关性，并对批次效应进行必要的校正。



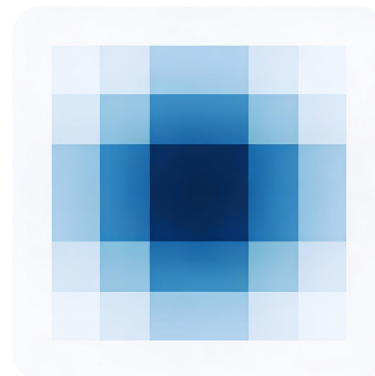
图1：标准测序数据处理流程示意

## 二、差异表达分析



### 火山图：差异分布

通过 $\log_2(\text{FC})$ 和 $-\log_{10}(\text{P值})$ 展示基因表达变化。红色代表显著上调，蓝色代表显著下调，直观呈现差异基因的整体分布情况。



### 热图：聚类分析

基于基因表达量进行层次聚类。颜色深浅代表表达水平高低，帮助识别具有相似表达模式的基因簇或样本组，挖掘协同作用的分子机制。



### 差异基因筛选

识别不同条件下表达水平显著变化的mRNA、lncRNA等分子。



### 结果统计与输出

精确统计上调/下调基因数量，并输出包含详细注释的差异基因列表。



### 多维可视化

支持火山图、热图、MA图等多种图表，全方位展示数据特征。

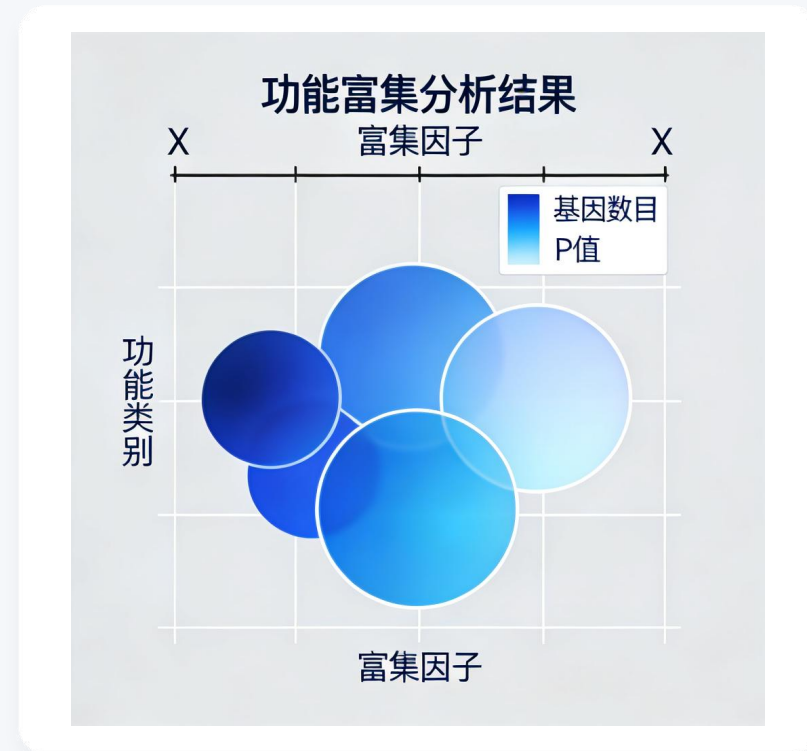
## 三、功能富集与通路分析

### 🔍 功能富集分析方法

- GO功能富集：涵盖生物过程(BP)、细胞组分(CC)、分子功能(MF)
- 通路与疾病：KEGG信号通路富集、GSEA基因集富集、DO疾病富集

### 📊 多维度可视化展示

- 基础图表：气泡图（展示富集因子与P值）、柱状图（展示富集显著性）
- 进阶图谱：富集圈图、KEGG通路互作图，直观呈现基因与功能关联



图：功能富集分析气泡图示例

# 四、分子互作与调控网络分析



## PPI网络分析

构建蛋白质-蛋白质相互作用网络，筛选核心Hub基因



## ceRNA网络分析

分析lncRNA-miRNA-mRNA之间的竞争性内源RNA调控关系



## 转录因子调控网络

基于靶基因预测算法，挖掘关键转录因子及其下游靶标



## 共表达网络分析

通过WGCNA算法构建基因共表达模块，解析功能聚类



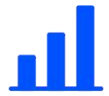
分子互作网络图示例

# 五、基因组、外显子组相关分析



## SNP/InDel分析

检测并注释单核苷酸多态性和插入缺失突变，精准定位基因变异位点。



## 突变频谱分析

绘制Waterfall瀑布图，直观展示不同样本的突变频率与分布特征。



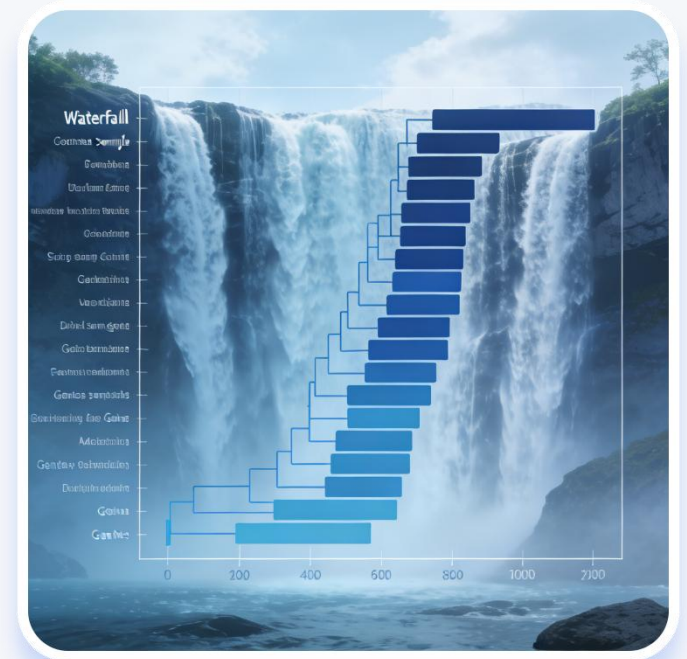
## CNV分析

检测基因组拷贝数变异，深入分析其对基因表达水平的潜在影响。



## 驱动基因分析

通过生物信息学算法，识别可能驱动疾病发生发展的关键突变基因。



图：突变频谱 Waterfall 瀑布图示例

# 六、免疫、肿瘤微环境相关分析



## 免疫浸润分析

使用CIBERSORT、xCell等算法评估样本中免疫细胞的组成和丰度。



## 免疫检查点分析

分析免疫检查点基因的表达水平，评估免疫治疗潜力。



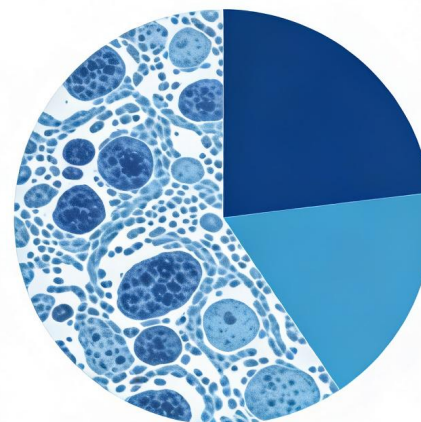
## 肿瘤微环境分析

结合多种指标评估肿瘤微环境的免疫状态。



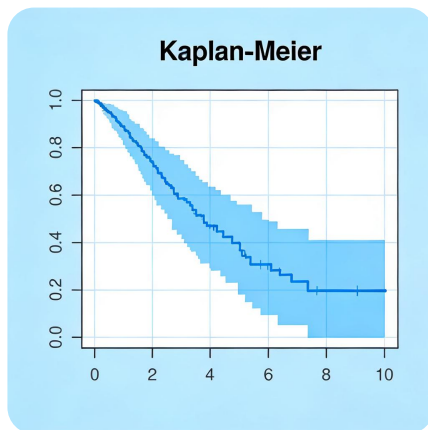
## 预后模型构建

基于免疫相关特征构建预后风险模型。



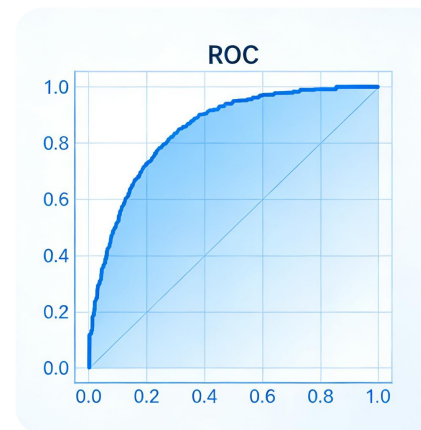
图：免疫细胞浸润分析结果示例

# 七、预后模型与机器学习分析



## 生存分析验证

绘制Kaplan-Meier生存曲线，直观展示高低风险组患者的生存差异，验证模型的预后区分能力。



## 模型性能评估

通过ROC曲线分析计算AUC值，结合校准曲线与决策曲线分析(DCA)，全面评估模型的准确性与临床获益。



## 风险评分模型构建

基于关键基因表达特征，构建多变量预后风险评分模型



## 机器学习特征筛选

利用随机森林、LASSO等算法筛选关键特征，优化模型效能

## 八、多组学联合分析



### 多组学数据整合

整合转录组、蛋白组、代谢组、基因组等多维度数据，打破单一数据局限。



### 深度联合分析

开展多组学WGCNA分析、联合富集分析及标志物筛选，挖掘数据间的内在关联。



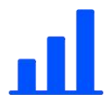
### 系统生物学解读

从整体层面解析生物系统的分子机制，揭示复杂生命现象背后的科学规律。



多组学数据整合与交互示意

# 九、可视化与论文图表服务



## 专业图表绘制

绘制热图、火山图、箱线图、生存曲线、网络图等各类生信专业图，数据呈现精准直观。



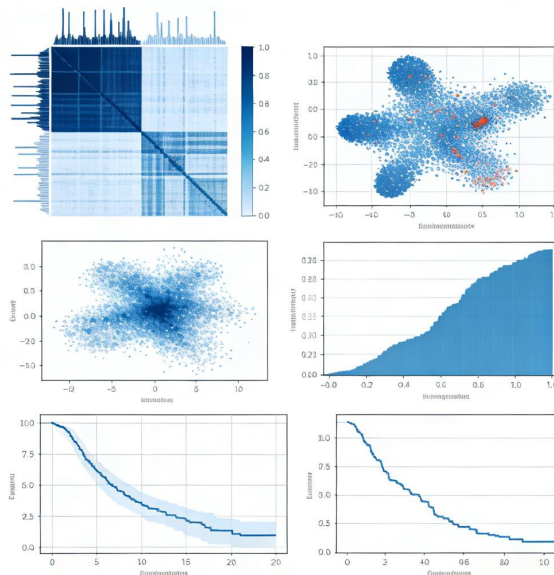
## 机制模式图制作

根据研究逻辑，设计清晰美观的机制模式图和技术路线图，提升科研故事的可读性。



## 论文图表整理

将分析结果规范化整理，生成可直接用于SCI论文发表的高清图表及配套说明文字。



各类标准生信图表示例展示

# 十、课题配套服务



## 课题设计

协助设计生信分析思路和实验方案，确保研究方向的科学性。



## 数据复现与补图

精准复现已发表论文的分析结果，快速补充研究所需关键图表。



## 文章修改与润色

提供专业的论文图表美化、语言润色及格式规范修改服务。



## 联合分析

结合qPCR、WB、IHC等实验数据进行多维度联合分析与验证。




课题研究全流程服务示意

# 总结与联系

## 核心价值总结

生信分析就是从测序数据里挖差异基因、找通路、建模型、画图表，最终支撑课题立项和SCI论文发表。我们致力于为您提供专业、高效的数据分析服务，挖掘数据背后的生物学意义。

## 联系我们

 电话：4008-2121-78

 邮箱：18930382178@126.com

 网址：[www.biotechwell.com](http://www.biotechwell.com)

感谢您的聆听，期待与您的合作!