

药学相关的转录组学数据分析平台用户手册

目录

一、 网站简介	2
二、 数据核验	2
三、 转录组学数据分析.....	9
四、 数据检索	14

一、网站简介

药学相关的转录组学分析平台是囊括了与药物试验相关的转录组学在内的综合分析平台。主要内容包括,药物实验数据的规范化核验,转录组学分析流程,数据的检索和展示等等。不仅包括转录组学的差异表达分析,功能注释和富集等功能模块,还包括对结果进行热图、火山图、功能富集图等可视化模块。为分析药物相关的转录组学研究提供一站式的服务。

接下来按照不同的功能模块介绍网站的主要内容和常规使用方法。

二、数据核验

数据核验是为了规范化实验数据的上传和数据汇交。包括该实验基本信息、该实验涉及到的相关的药物/化合物信息、该实验设计中的样本及样本处理信息、测序数据的处理信息、表达量文件的上传等五个部分。

1、填写实验基本信息



The screenshot shows a form titled "1、请选择实验是否涉及化合物/药物信息". It contains three sections: 1.1 "生成或输入项目编号:" with a text input field and a link "若首次上传, 点击[此处](#)生成; 若已有, 请输入。"; 1.2 "填写实验名称:" with a text input field and a note "符合实验内容, 汉字数字字母皆可。"; 1.3 "选择是否涉及化合物/药物信息:" with two radio buttons, "涉及, 添加化合物/药物信息" (selected) and "不涉及, 跳过".

1.1 根据提示输入或者直接生成项目编号。该项目编号是项目信息的唯一标识, 具有唯一性, 通常选择时间+特殊字符的方式。该项目编号也是进行项目搜索时使用的关键搜索词。

1.2 根据提示输入实验名称。实验名称可有用户输入, 没有特殊的限制, 只需要体现实验内容即可, 便于用户自己记忆和搜索, 不要求唯一性。

1.3 选择是否涉及化合物/药物信息。在实验设计中, 有的会涉及具体的化合物或者药物信息, 如果涉及, 将会在第二步进行化合物或者药物的信息登记。如果不涉及, 则直接进入第三步, 登记样本信息。

2、该实验涉及到的相关的药物/化合物

2、添加化合物/药物信息

2.1 受试物名称* 如：美沙拉嗪或者Mesalazine

2.2 化合物CAS号 如：41372-02-5。Chemical Abstracts Service (CAS) registry number

2.3 上传化合物2D/3D/晶体结构:  

2.4 分子式* 如：C7H7NO3。表明化合物的物质分子组成及分子量

2.5 SMILES结构式* 如：C1=CC(=C(C=C1N)C(=O)O)。表明化合物的结构，点击[查看结构](#)

2.6 剂型/性状 如：片剂。白色粉末等

2.7 化合物批号 如：2020010-20。提供化合物所属批号

2.8 来源* 如：xx公司。说明从哪个公司购买，或者哪个课题组合成制备

2.9 纯度* 如：99.62。%已内置。表明化合物的含量

2.10 保存条件及配制方法* 如：-20°C (粉末状)；-80°C (溶于溶剂)；25%PEG400溶解 (体内实验)；DMSO溶解等 (体外实验)。

此部分主要填写与受试物（化合物/药物）相关的基本信息。

2.1 填写化合物/药物的名字，中英文皆可。此项为必填项。

2.2 填写化合物/药物的 CAS 号，CAS 指 Chemical Abstracts Service (CAS) registry number，是该物质唯一的数字识别号码。

2.3 上传化合物/药物 2D/3D/晶体结构，点击文件上传或者拖入直接上传，输入框会显示上传成功的文件名，且会在预览区显示对应的图片。上传成功后，还可以手动选择删除该图片。

2.4 填写该化合物/药物的分子式，表明化合物/药物的物质分子组成及分子量。此项为必填项。

2.5 填写该化合物/药物的 SMILES 结构式，表明化合物/药物的结构，可在相关网站进行查询（如 <http://swisstargetprediction.ch/> 等网站）。此项为必填项。

2.6 填写该化合物/药物的剂型/性状，如：片剂；白色粉末等。

2.7 填写该化合物/药物的批号，化合物的所属批号便于查询和记录。

2.8 填写该化合物/药物的来源，注明从哪个公司购买，或者哪个课题组合成制备。此项为必填项。

2.9 填写该化合物/药物的纯度，%已内置，仅可填写 0-100 内的数字，包含两位小数，如未规范填写，输入框会自动删除。此项为必填项。

2.10 填写该化合物/药物的保存条件及配制方法。如：-20°C（粉末状）；-80°C（溶于溶剂）；25% PEG400 溶解等（体内实验）；DMSO 溶解等（体外实验）。此项为必填项。

以上各项是关于化合物/药物的信息，填写完成后，点击“验证”按钮，会将输入信息汇总成表格，供用户检查。

化合物名称*	化合物CAS号	分子式*	SMILES结构式*	剂型	批号	来源*	纯度*	保存条件及配制方法(溶剂)*
美沙拉唑	41372-02-5	C7H7NO3	C1=CC(=C(C=C1N)C(=O)O)O	片剂	2020010-20	xx公司	99.62%	-20°C (粉末状)

验证通过，点击填写样本信息

输入信息确认无误后，点击填写样本信息，才会显示第三步样本信息的采集和输入。

3、输入该实验设计中的样本信息

3、添加样本信息

3.1 药效学模型

(1) 所属研究领域 如：抗肿瘤药理活性

(2) 模型名称* 如：A药对小鼠GL261肿瘤的生长抑制作用

3.2 实验对象

3.2.1 选择实验对象： 细胞 动物 病毒 外泌体

填写细胞信息* 如：GL261, 广州吉妮欧生物科技有限公司

3.3 样品处理方法

(1) 化合物浓度/分组* 如：A药, 1.5625, 3.125, 6.25, 12.5, 25.0, 50.0, 75.0 μmol/L或者A药, 2.5, 5.0, 7.5, 10.0, 15.0, 20.0 mg/kg (可以用数字, 也可以用科学计数法表示; 单位可以是摩尔浓度, 也可以是克分子浓度)

(2) 作用时间* 如：A药：造模/接种后1-7天；A药：造模/接种细胞后72h

(3) 给药频率* 如：如每天一次, 隔天一次, 每周一次等; 24h后加药等

(4) 给药方式* 如：灌胃给药、腹腔注射、尾静脉注射等; 加入细胞培养上清中等

3.4 测序信息

(1) 测序方法* 如：RNA-seq

(2) 测序平台* 如：Illumina NextSeq1000

主要包括药效学模型、实验对象、样品处理方法和测序信息四个方面。

3.1 填写药效学模型。主要包括两个方面，一个是所属研究领域，如：抗肿瘤药理活性，另一方面是模型名称，如：A 药对小鼠 GL261 脑瘤的生长抑制作用。模型名称为必填项。

3.2 选择实验对象。在细胞、实验动物、病毒、外泌体选项中选择，如果是上述 4 种之外的实验对象，请选择其他，并填写具体实验对象名称。除实验动物外，只需要填写具体信息（名称和来源），如：细胞 GL261，广州吉妮欧生物科技有限公司。但是如果选择实验动物，除了需要填写实验动物基本信息外（种属、品系和来源），如：小鼠，KM，北京华阜康生物科技股份有限公司，还需要单独上传动物伦理申请和动物合格证的相关文件（图片或者文件），上传之后会在“图片预览区”显示。

3.2.1 选择实验对象： 细胞 动物 病毒 外泌体

请输入动物信息* 如：小鼠, KM, 北京华阜康生物科技股份有限公司。说明品系, 来源等信息

上传动物伦理申请:



点击上传, 或者拖拽文件到此

.jpg/.png/.tif/.pdf格式

图片预览区

上传动物合格证:



点击上传, 或者拖拽文件到此

.jpg/.png/.tif/.pdf格式

图片预览区

3.3 填写样本的处理方式。主要包含四个方面，（1）填写化合物浓度/分组。如：A 药，1.5625, 3.125, 6.25, 12.5, 25.0, 50.0, 75.0 $\mu\text{mol/L}$ 或者 A 药，2.5, 5.0, 7.5, 10.0, 15.0, 20.0 mg/kg （可以用数字，也可以用科学计数法表示；单位可以是摩尔浓度，也可以是克分子浓度），数字之间用英文半角的逗号隔开。（2）填写作用时间。如：A 药：造模/接种后 1-7 天；A 药：造模/接种细胞后 72h。（3）填写给药频率，如：如每天一次，隔天一次，每周一次等；24 h 后加药等。（4）填写给药方式，如：灌胃给药、腹腔注射、尾静脉注射等；加入细胞培养上清中等。此四项皆为必填项。

3.4 填写测序方式。对数据来源的标准化采集，主要包括两个方面，（1）填写测序方法，如：RNA-seq。（2）填写测序平台，如：Illumina NextSeq1000。

以上各项是关于样本的信息，填写完成后，点击“验证”按钮，会将输入信

息汇总成表格，供用户检查。

药理学模型		实验对象		样品处理方法			测序		
所属研究领域	模型名称*	实验对象*	具体信息	化合物浓度/分组*	作用时间*	给药频率*	给药方式*	测序方法*	测序平台*
抗肿瘤药理学活性	平板克隆实验	动物	小鼠, KM, 北京华阜康生物科技股份有限公司	A药, 1.5625, 3.125, 6.25, 12.5, 25.0, 50.0, 75.0 μmol/L	A药 1-7天	隔天一次	灌胃给药	RNA-seq	Illumina NextSeq1000

验证通过，点击添加对测序样本的处理

如果确认无误后，点击验证通过，将进行下一项对测序数据的操作的填写。

4、对原始测序数据的处理

4、对原始数据处理主要流程的描述

4.1 点击选择常见操作

- 质量控制 FastQC
- 质量控制 Trimmomatic
- 测序数据比对 (mapping) BWA
- 测序数据比对 (mapping) Bowtie
- 测序数据比对 (mapping) Tophat

4.2 点击输入上面未列出操作

对原始测序数据的主要处理 +

点击新增下一步

填写样本的处理方式。主要包含四个方面，(1) 为了方便用户填写，我们首先列出了常见的获取表达量的方法，包括质量控制和序列比对两方面，共包括 5 个软件，FastQC、Trimmomatic、BWA、Bowtie 和 Tophat 等。用户可根据实际操作选择对应的软件。(2) 对于用户进行一些特殊的操作，如去污染等等。用户可根据实际情况填写进行的操作和主要的软件。点击加号可以添加新行。也可点击右侧叉去除掉新增行。

4.2 点击输入上面未列出操作

对原始测序数据的主要处理	<input type="text" value="请依次填写对原始数据处理主要流程 (分析平台/软件包的名称, 版本信息)"/>	点击新增 +
对原始测序数据的主要处理	<input type="text" value="请依次填写对原始数据处理主要流程 (分析平台/软件包的名称, 版本信息)"/>	点击删除 ×
对原始测序数据的主要处理	<input type="text" value="请依次填写对原始数据处理主要流程 (分析平台/软件包的名称, 版本信息)"/>	点击删除 ×
对原始测序数据的主要处理	<input type="text" value="请依次填写对原始数据处理主要流程 (分析平台/软件包的名称, 版本信息)"/>	点击删除 ×
对原始测序数据的主要处理	<input type="text" value="请依次填写对原始数据处理主要流程 (分析平台/软件包的名称, 版本信息)"/>	点击删除 ×

5、生成数据核验报告

上述所有数据验证通过后可以，点击生成数据核验报告。

4.2 点击输入上面未列出操作

对原始测序数据的主要处理	请依次填写对原始数据处理主要流程（分析平台/软件包的名称，版本信息）	点击新增下一步 +
对原始测序数据的主要处理	请依次填写对原始数据处理主要流程（分析平台/软件包的名称，版本信息）	点击删除 X

[点击验证](#) [重置](#)

[验证通过，点击生成数据清洗报告](#)

数据核验报告以表格形式体现，可以提供 Excel 格式的下载。根据之前的填写的模块，分别显示试验信息、化合物信息、样本信息和原始测序数据处理等信息。如果在第一步中选择不涉及化合物，则会不显示第二部分内容，为了数据的保密性，验证码只在该报告中出现。报告的第一行为“试验编号+实验名称+验证码”。

数据清洗报告

[导出为Excel文件](#)

IMM_2023_02_17_0001_A药抗肿瘤药活性_2023_6e0ee48d7073fe803db1110b35b4e0ca_				
试验信息	试验日期:	2023-02-17	试验名称:	A药抗肿瘤药活性
	试验编号:	IMM_2023_02_17_0001	验证码:	2023_6e0ee48d7073fe803db1110b35b4e0ca
化合物信息				
化合物信息	化合物名称:	美沙拉嗪	CAS号:	41372-02-5
	结构文件名:	.mol或.cxf格式	分子式:	C7H7NO3
	SMILES结构式*:	C1=CC(=C(C=C1N)C(=O)O)O	剂型/性状:	白色粉末
制备信息	化合物批号:	2020010-20	纯度:	99.62
	来源:	xx公司		
	保存条件及配制方法:	-20°C (粉末状) ;		
样本信息				
药效学模型	所属研究领域:	抗肿瘤药活性	模型名称:	平板克隆实验
实验对象信息	实验对象:	动物	详细信息:	小鼠, KM, 北京华阜康生物科技股份有限公司
样品处理方法	化合物浓度/分组:	A药, 1.5625, 3.125, 6.25, 12.5, 25.0, 50.0, 75.0 μmol/L	作用时间*:	A药 1-7天
	给药频率:	隔天一次	给药方式:	灌胃给药
测序信息	测序方法:	RNA-seq	测序平台:	Illumina NextSeq1000
对原始数据处理主要流程				
1	操作:	质量控制	软件:	FastQC
2	操作:	质量控制	软件:	Trimmomatic
3	操作:	测序数据比对 (mapping)	软件:	BWA
4	操作:	测序数据比对 (mapping)	软件:	Bowtie
5	操作:	测序数据比对 (mapping)	软件:	Tophat
6	操作:			

[验证通过，点击上传表达矩阵](#)

验证无误后，可以点击上传表达矩阵。

6、数据上传

5、请上传表达矩阵

是否进行标准化: 是 否

示例文件

文件类型	表达矩阵	分组情况
<input checked="" type="radio"/> 转录组1	表达矩阵示例文件1.txt	分组情况示例文件1.txt
<input type="radio"/> 转录组2	表达矩阵示例文件2.txt	分组情况示例文件2.txt

上传表达矩阵文件:



点击上传, 或者拖拽文件到此

上传分组情况文件:



点击上传, 或者拖拽文件到此

在数据上传中, 需要选择是否对表达矩阵文件进行了标准化, 如 TPM, FPKM 等。本流程使用的是 DESeq2 进行差异表达分析, 其内置了标准化的算法, 所以不推荐使用标准化之后的数据, 最好是比对结果中原始的 counts 矩阵文件即可。

首先上传表达矩阵文件, 其第一列是以 gene 样本 1 样本 2 样本 3 样本 4 等等, 期间以制表符分隔, 此样本名与分组情况文件中对应。表达矩阵文件的第一列是基因名, 表格的主体是各个样本中各个基因的表达量 counts 数据。

其次上传分组情况文件, 其第一列是 sample conditions, 两个固定的单词, 该词会用在后续 R 读取信息时使用。第一列 sample 与表达矩阵文件中的样本名对应, 第二列 conditions 是表明分组情况, 同一分组下的样本记录为相同的 conditions, 示例如下图所示:

```

sample conditions
mouse1 day0
mouse2 day0
mouse3 day0
mouse4 day3
mouse5 day3
mouse6 day3

```

上述所有信息填写完毕后, 可以选择保留所有信息, 会通过下载按钮提供包

含所有信息的表格文件和所有其他文件的一个文件夹的压缩包，用户可检查自己的信息是否正确。确认无误后，可以点击“开始分析”进行转录组分析。进入“参数选择”的模块，这一部分我们放在转录组分析中详细介绍。

三、转录组学数据分析

转录组学数据分析主要包括三大步骤，数据上传、参数选择和结果展示。

1、数据上传

分析您的原创数据

如果您的原意分享您的实验组涉及的样本信息和受试物（化合物/药物）信息，请点击“数据清洗”进行上传。

点击选择物种： 小鼠 人类 大鼠 斑马鱼 恒河猴 狗

点击选择基因格式： ENSEMBL SYMBOL ENTREZID

上传表达矩阵文件:

点击上传，或者拖拽文件到此

counts.txt

上传分组情况文件:

点击上传，或者拖拽文件到此

group.txt

开始分析

此处的数据上传和“数据核验”中的数据上传是一致的，如果用户不愿分享其他信息，只想进行转录组的分析，可以从这一步开始。如果希望共享实验涉及的样本信息和受试物（化合物/药物）信息，可以点击“数据核验”进行填写。

首先选择物种，我们列出了常见的几种实验所用的物种，在后台也内置了他们的基因组以及注释信息。之后选择基因的格式，因为基因名的格式有很多种表示方式，选择表达矩阵文件中表示基因名的格式，便于我们后续进行分析。最后是上传表达矩阵文件和分组情况文件，跟“数据核验”模块的文件上传要求一致。

可以根据实例文件中，下载表达矩阵文件格式说明.txt 和分组情况文件格式说明.txt 两个文件，来准备正确的文件，也可以利用我们的实例文件，进行分析。

示例文件

示例序号	表达矩阵文件	分组情况文件
<input type="radio"/> 格式说明	表达矩阵文件格式说明.txt	分组情况文件格式说明.txt
<input type="radio"/> 1、转录组	表达矩阵示例文件1.txt	分组情况示例文件1.txt
<input checked="" type="radio"/> 2、转录组	表达矩阵示例文件2.txt	分组情况示例文件2.txt

开始分析

2、参数选择

点击开始分析，进入参数选择界面。根据用户的需求选择分析的对象，阈值的设定和结果的格式等参数进行。当前显示的是默认的参数。

请选择实验组和对照组:

实验组: treat
 control

对照组: treat
 control

请设置adjusted_P的值:

请设置log2 Fold Change的值:

请选择GO term的分类:

- 生物过程 (Biological Process, BP)
- 细胞组分 (Cellular Component, CC)
- 分子功能 (Molecular Function, MF)

请选择差异表达基因的范围:

- 表达上调的基因
- 表达下调的基因
- 所有差异表达的基因

请选择富集图的性状:

- 点状图
- 柱状图

开始分析

2.1 选择实验组和对照组。首先点击两个单选框，分别选择实验组和对照组。实验组和对照组取自分组情况文件中的 conditions。如果存在多个 conditions，也只能选择一个实验组和一个对照组。

2.2 设定 adjusted_P 的值和 log2 Fold Change 的值。这两个都是在差异表达分析中的筛选阈值。

2.3 选择 GO term 的分类、差异表达基因的范围和富集图的性状。这三项都是为 GO 功能富集结果的展示选择使用的数据和输出的格式。

参数选择完成后，点击开始分析，如果未选择对照组，或者对照组和实验组一样，将会提示报错。点击开始分析，会出现结果查看地址和等待提示语，因为要在后台运行差异分析和富集分析等，大概耗时几分钟，用户可以选择等待或者选择复制结果查看地址，稍后查看。



3、结果展示

在转录组学数据分析结果的结果展示页面，我们采取栅格式并列展示四种结果。差异表达基因及其蛋白互作网络、火山图、GO 注释结果和 KEGG 注释结果。

3.1 差异表达基因

数据清洗 / 设置参数 / 结果展示

1、差异表达基因和蛋白互作网络 2、火山图 3、GO注释 4、KEGG注释

用新的参数重新生成差异表达基因 请点击选择新的参数 参数设置页面

点击下载 DEA_result.csv

点击基因名，查看基因信息和蛋白互作网络

差异表达基因:

SYMB...	ENSEM...	baseM...	logFC	lfcSE	stat	P_Valu...	adj_P_...	Thresh...
Pdc	ENSM...	36.21	-5.17	0.74	-6.90	5.07e-12	8.32e-09	Down...
Kif1a	ENSM...	16.03	-3.71	0.89	-4.14	3.43e-05	0.01	Down...
Aldh3a1	ENSM...	16.08	-5.60	1.23	-4.53	5.77e-06	0.00	Down...
Gucy2e	ENSM...	10.98	-5.00	1.35	-3.69	0.00	0.04	Down...
Rcvrn	ENSM...	9.15	-6.66	1.52	-4.38	1.18e-05	0.00	Down...
Mak	ENSM...	12.10	-7.07	1.46	-4.83	1.33e-06	0.00	Down...

在差异表达基因方面，因为基因比较多，所以采用打包下载和表格展示两种方式。对于表格展示的差异表达基因来说，其各个方面的参数都予以展示，且都有排序功能。

点击蓝色的基因名，还会显示其该基因相关详细信息的网站和蛋白互作网络的信息。

点击查看该基因(Pdc)详情:

NCBI Uniprot UCSC GeneCard DrugBank SMPDB

该基因(Pdc)蛋白互作网络 (PPI) : 该图片只是基因(Pdc)PPI的简单展示, 详细信息请点击[STRING](#):

差异表达基因:

仅展示前20行

SYMB...	ENSEM...	baseM...	logFC	lfcSE	stat	P_Valu...	adj_P_...	Thresh...
Pdc	ENSM...	36.21	-5.17	0.74	-6.90	5.07e-12	8.32e-09	Down-...

点击不同按钮可以访问该基因在不同网站的详情页，已做好跳转搜索设置，不需要手动搜索。蛋白互作网络只显示静态的图片模式，可以点击蓝色链接，跳转 [STRING](#) 网站，其中包含三维的结构展示和详细的信息介绍。

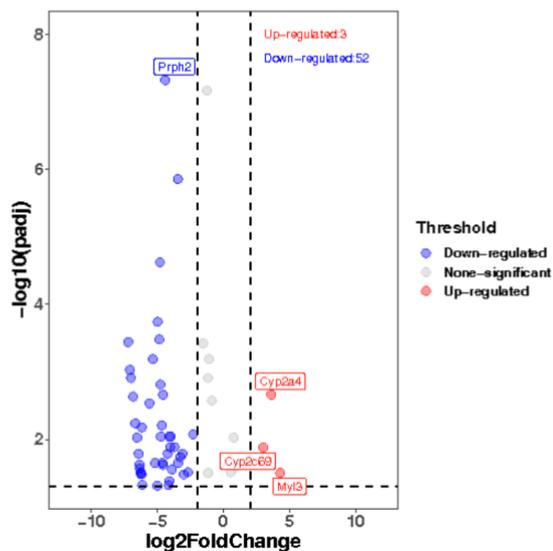
3.2 火山图

1、差异表达基因和蛋白互作网络 2、火山图 3、GO注释 4、KEGG注释

用新的参数重新生成火山图 请点击选择新的参数① 参数设置页面

点击下载 [DEG_Volcano_Plot.pdf](#)

火山图

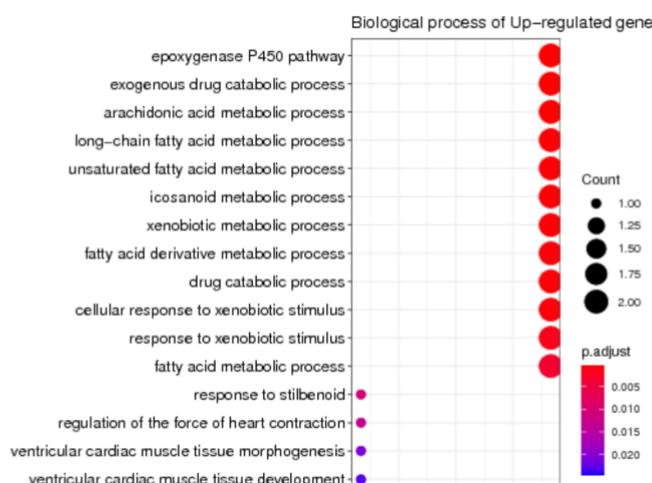


火山图是一种很好的展示差异表达基因的方式，对于上调基因、下调基因和无差异表达的基因以及他们的表达量的差异和对应的 p -value 值，都可以有直观的展示。网页只展示低分辨率的 png 图片格式，此外还提供 PDF 格式的下载功能。

3.3 GO 富集

1、差异表达基因和蛋白互作网络	2、火山图	3、GO注释	4、KEGG注释
用新的参数重新生成GO富集图	请选择GO term的分类:	<input checked="" type="radio"/> 生物过程 (Biological Process, BP) <input type="radio"/> 细胞组分 (Cellular Component, CC) <input type="radio"/> 分子功能 (Molecular Function, MF)	
	请选择差异表达基因的范围:	<input checked="" type="radio"/> 表达上调的基因 <input type="radio"/> 表达下调的基因 <input type="radio"/> 所有差异表达的基因	
	请选择富集图的性状:	<input checked="" type="radio"/> 点状图 <input type="radio"/> 柱状图	
	点击更新		
点击下载	GO_Plot.pdf		

GO富集结果



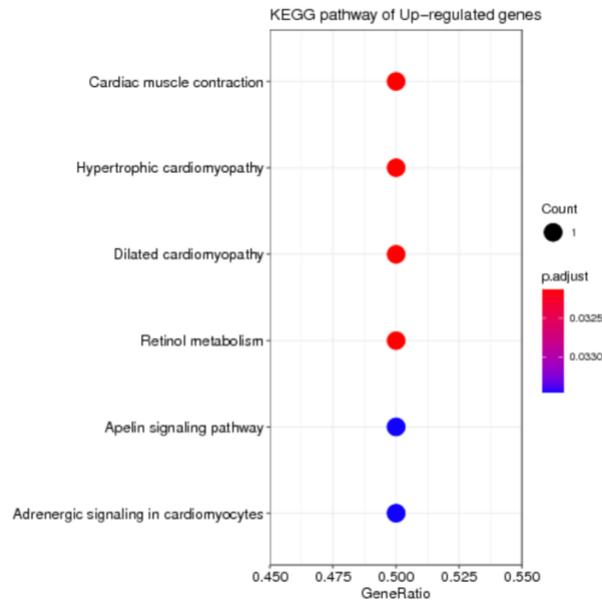
GO (Gene Ontology) 是一个在生物信息学领域中广泛使用的本体，它涵盖生物学的三个方面：细胞组分、分子功能、生物过程。对于差异表达的基因都涉及什么功能，这些功能主要富集在哪些方面，都可以通过 GO 功能注释来获得。在本页除了参数选择中的结果展示之外，还提供选择不同的 GO term 的分类、差异表达基因的范围和富集图的性状，然后点击更新按钮，可以在页面不刷新的情况下，将图片更新为新的 GO 富集结果。本页也提供高清的 PDF 版本的下载功能，每次下载都只指向当前页面显示的结果，如果需要多个不同的文件，需要多次下载对应的结果文件。

3.4 KEGG 注释结果

KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 是一个包含诸多信号通

1、差异表达基因和蛋白互作网络	2、火山图	3、GO注释	4、KEGG注释
用新的参数重新生成KEGG富集图	请选择差异表达基因的范围:	<input checked="" type="radio"/> 表达上调的基因 <input type="radio"/> 表达下调的基因 <input type="radio"/> 所有差异表达的基因	
	请选择富集图的性状:	<input checked="" type="radio"/> 点状图 <input type="radio"/> 柱状图	
	点击更新		
点击下载	KEGG_Plot.pdf		

KEGG富集结果:



路的数据,通过对比基因是否是某个通路中的基因来表示其发挥的生物学功能。与 GO 功能注释类似,提供了差异表达基因所涉及的功能分析。在本页除了参数选择中的结果展示之外,还提供选择不同的差异表达基因范围和富集图的性状,然后点击更新按钮,可以在页面不刷新的情况下,将图片更新为新的 KEGG 富集结果。本页也提供高清的 PDF 版本的下载功能,每次下载都只指向当前页面显示的结果,如果需要多个不同的文件,需要多次下载对应的结果文件。

四、数据检索

在数据核验时,我们对实验信息进行了详细的记录,其中实验编号和验证码做为该实验信息的标识具有唯一性。我们在此添加验证码的验证功能,以及根据验证码搜索其对应的实验名称和相关信息。

根据验证码搜索对应的实验名称及相关信息

输入验证码，验证码可在“[数据清洗报告](#)”中获得

点击搜索

如果该验证码存在，则返回实验时间、项目编号、实验名称三项信息，并展示“验证通过”字样。若不存在，则显示“未收录相关信息”字样。

根据验证码搜索对应的实验名称及相关信息

输入验证码，验证码可在“[数据清洗](#)”获得

点击搜索

搜索结果 (验证通过)

实验时间	项目编号	实验名称
2023-03-15	IMM_2023_02_17_0001	A药抗肿瘤药理活性