



OPEN ACCESS PEER-REVIEWED

RESEARCH ARTICLE

SRplot: A free online platform for data visualization and graphing

Doudou Tang, Mingjie Chen, Xinhua Huang, Guicheng Zhang, Lin Zeng, Guangsen Zhang, Shangjie Wu, Yewei Wang

Published: November 9, 2023 • <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0294236>

Article	Authors	Metrics	Comments	Media Coverage
⌵				

757

Save

1,457

Citation

33,752

View

224

Share

Download PDF

Print

Share

 Check for updates

ADVERTISEMENT

1400+次引用

Top 1%高引论文

Top 0.1%热门论文

1 SRplot: A free online platform for data visualization and graphing



Tang, DD; Chen, MJ; (...); Wang, YW



Nov 9 2023 | PLOS ONE 18 (11)



Graphics are widely used to provide summarization of complex data in scientific publications. Although there are many tools available for drawing graphics, their use is limited by programming skills, costs, and platform specificities. Here, we presented a freely accessible easy-to-use web server named SRplot that integrated more than a ... [Show more](#)

 Free Full Text from Publisher

微生物平台助力文章统计

7860+ 篇英文

7020+ 篇中文

Google 学术搜索 "bioinformatics.com.cn"

文章 找到约 7,860 条结果 (用时0.15秒)

- 时间不限
- 2025以来
- 2024以来
- 2021以来
- 自定义范围...

- 按相关性排序
- 按日期排序

- 不限语言
- 中文网页
- 简体中文网页

Effects of Buyang Huanwu Decoction on optic tract rats and bioinformatics analysis of key pharmacolo
 HU Ziling, W Yuxuan, GUO Xinqi... - Journal of Beijing ..., 2022 - s
 Objective We aimed to observe the effects of Buyang Huanwu Dec
 tract injury of cerebral ischemia rats and to explore the effective co
 ☆ 保存 引用 相关文章

Overexpression of RAD54L attenuates osteoarthritis 1α/VEGF signaling pathway: Bioinformatics analysi
 Z Li, L Xie, L Zou, S Xiao, J Tao - Plos one, 2024 - journals.plos.org
 Osteoarthritis (OA) is a widespread chronic, progressive, degenera
 causes pain and disability. Current treatments for OA have limited e
 ☆ 保存 引用 被引用次数: 6 相关文章 所有 7 个版本

cnki中国知网 www.cnki.net 总库 检索 CNKI AI 出版来

全文 微生物

总库 7020 中文 外文 学术期刊 3836 学位论文 3161 会议 10 报

主题 检索范围: 总库 全文: 微生物 主题定制 检索历史

全选 已选 0 清除 批量下载 导出与分析

题名

- 1 基于代谢组学与转录组学研究露水草乙醇提取物改善缺血性脑卒中的作用机制 [网络首发](#) [增强出版](#)
- 2 决明WRKY基因家族鉴定及其对茉莉酸甲酯的响应
- 3 基于数据挖掘和网络药理学探究中医药治疗腹膜透析相关性腹膜炎的用药规律及作用机制

网络药理学 (3709)
 作用机制 (1484)
 分子对接 (1160)
 用药规律 (517)
 数据挖掘 (475)
 分子对接技术 (387)
 机制研究 (349)
 分子机制 (235)
 信号通路 (153)
 生物信息学 (135)

网站首页

关键词搜索，支持中文、英文、拼音

注册/登录
用户信息

欢迎: gene7@163.com, 剩余微币: 9400 注销

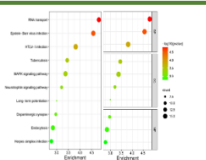


高通量测序 网站导航 联系我们

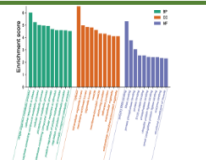
输入框上方有视频，先看视频再做图 (测试账号: test, 密码: bio123456)

分类导航

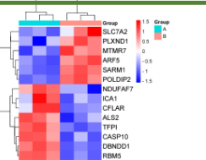
- 基础绘图**
- 饼图
- 线图
- 点图
- 柱状图
- 面积图
- 转录组绘图**
- 小提琴图
- 火山图
- 聚类热图
- GO, Pathway图
- Venn图
- (宏)基因组绘图**
- 染色体图
- SNP密度图
- circos图
- 物种累积曲线
- 花瓣图
- 临床绘图**
- 生存曲线
- 森林图
- 其他**
- 地图
- PCA
- 常用工具**
- 长宽数据转换
- 基因共表达
- fasta工具箱
- DESeq2差异分析
- limma差异分析
- 肿瘤纯度
- GOID分配分类信息



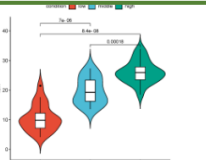
富集气泡图
enrichment dot bubble



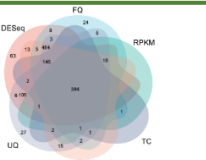
BP, CC, MF三合一
enrichment GO term



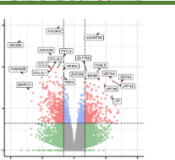
聚类图 热图
cluster heatmap



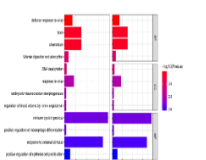
小提琴图
violin box



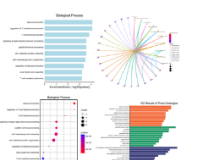
4/5/6/7元文恩图
venn diagram



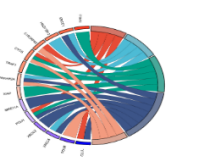
带基因标注的火山图
volcano plot



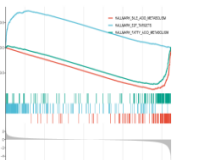
带颜色富集条形图
bar with color gradient



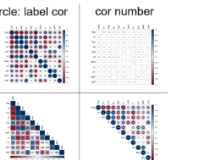
GO, KEGG富集分析
go kegg pathway enrichment



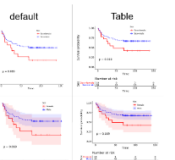
GO_Pathway弦图
Gene Ontology, chord



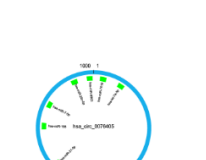
GSEA基因集富集分析
gsea gene set genesets



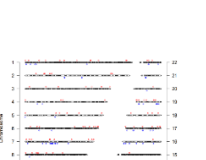
相关系数图
correlation, corplot



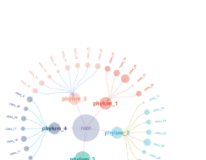
KM生存曲线
KM survival curve




环状RNA-miRNA图
circRNA miRNA circle



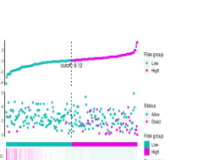
染色体分布图
peak chromosome distribution



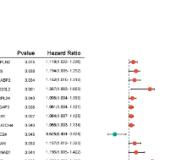
三层圆形网络图
circle network



主成分分析
principal components analysis



风险得分三联图
risk score

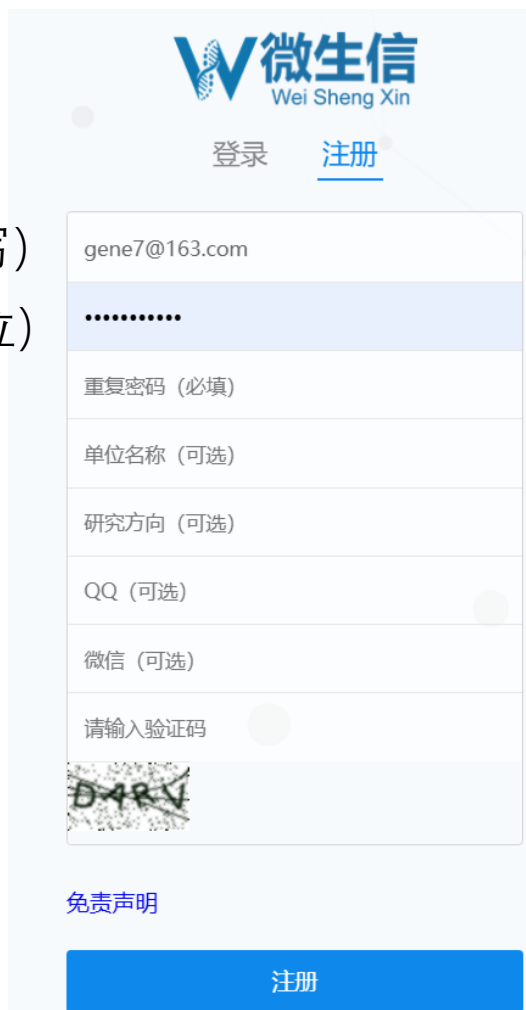


森林图
forest plot hazard ratio

绘图/分析
模块示例图

注册、登录、找回密码

真实邮箱 (全小写)
密码 (至少6位)



W 微生信
Wei Sheng Xin

登录 注册

gene7@163.com

.....

重复密码 (必填)

单位名称 (可选)

研究方向 (可选)

QQ (可选)

微信 (可选)

请输入验证码

D4RV

免责声明

注册



W 微生信
Wei Sheng Xin

登录 注册

gene7@163.com

.....

qquy

QQUY

登录

记住我 [忘记密码?](#)



W 微生信
Wei Sheng Xin

gene7@163.com

sbxy

SBXY

发送重置密码邮件



www.bioinformatics.com.cn 显示

邮件已发送, 请点击邮件中的链接以重置密码!

确定

邮箱中的链接
拷贝到浏览器地址栏

分类导航

- 基础绘图
 - 饼图
 - 线图
 - 点图
 - 柱状图
 - 面积图
- 转录组绘图
 - 小提琴图
 - 火山图
 - 聚类热图
 - GO, Pathway图
 - Venn图
- (宏)基因组绘图
 - 染色体图
 - SNP密度图
 - circos图
 - 物种累积曲线
 - 花圈图
- 临床绘图
 - 生存曲线
 - 森林图
- 其他
 - 地图
 - PCA
- 常用工具
 - 长宽数据转换
 - 基因共表达
 - fasta工具箱
 - DESeq2差异分析
 - limma差异分析
 - 肿瘤纯度
 - GOID分配分类信息



请输入关键词

查找

高通量测序 [站点导航](#) [联系我们](#)

欢迎: gene7@163.com, 剩余微信: 9400 注册

输入框上方有视频, 先看视频再绘图

用前必读

用前必读

1. 使用excel存储并整理数据, 然后拷贝, 粘贴到输入框
2. 先用输入框下方的输入检查按钮检查输入, 通过后再作图
3. 表头请勿使用#, <, >, %, (,)等特殊符号, 默认仅支持英文字符
4. 使用inkscape或者AI修改文字, 字体, 颜色, 删除, 处理截断
5. 生信项目合作, 提交bug, 发文章引用请分, 请加管理员微信 (页面右下)

人工客服 基因名转换 FC/P转换 常用配色 需求及bug提交 pdt转图片

必需输入

必需输入

必需输入 聚类热图教程 文字教程

请勿上传超过5000行的矩阵

数据较少 (直接拷贝数据并粘贴到输入框):

输入为矩阵形式

第1行: 组名

第2行: 样品名

第3+: 数据

数据较多 (上传制表符分割的txt文件, 英文文件名)

可选参数

可选参数

可选项输入

图片大小

图片宽度: ; 图片高度:

字体大小

行 (基因名) 字体大小:

列 (样品名) 字体大小:

颜色

低颜色: ; 中间颜色: ; 高颜色:

颜色个数 (越多越平滑):

scale方向 (z-score转化, 两个样品间不要scale)

行 (基因) 列 (样品) 原始数据

显示的名字

行 (基因名) 列 (样品名) 都显示 (基因名+样品名) 都不显示

聚类方向

基因聚类 (纵向) 样品聚类 (纵向) 双向聚类 不聚类 (保持原始顺序)

聚类方法

complete ward ward.D ward.D2 single

average mcquitty median centroid

距离方法

correlation euclidean maximum manhattan

canberra binary minkowski

回调函数注: 新版与标注某几个基因模块一致

heatmap (旧版) dendsort (新版)

扫二维码 (手机打开, 扫二维码)

字体

Times New Roman Arial

聚类图, 热图

简介

利用颜色表示表达值 (原始或标准化), 并使用距离矩阵进行聚类, 调用heatmap R包

数据说明

第一行为group名字, 第二行为样品名字, 其余为数据 (其中第一列是基因名)

注意: 1, 若基因有重名的, 取均值; 样品也不能有重名的, 2, **制表符分隔**, 可以在excel中做转化 (例如log2等, 这里默认数据已经处理好), 然后贴过来。

变种: 若数据仅0,1, 那么可以选择前后两种颜色展示 (例如黑白), 若数据仅三种 (例如-1.0, 1), 则可以选择3种颜色展示 (例如黑白白)。

论文例子

Integrated network analysis to explore the key genes regulated by parathyroid hormone receptor 1 in osteosarcoma Fig 1.

输入 示例数据

输出



如何引用?

建议直接写网址, 4200+篇google学术, 3500+篇知网学术

正式引用: Tang D, Chen M, Huang X, Zhang G, Zeng L, Zhang G, Wu S, Wang YSRplot: A free online platform for data visualization and graphing. PLoS One. 2023 Nov 9;18(11):e0294236. doi: 10.1371/journal.pone.0294236. PMID: 37943830.

方法章节: Heatmap was plotted by <https://www.bioinformatics.com.cn> (last accessed on 10 Oct 2024), an online platform for data analysis and visualization.

致谢章节: We thank Mingjie Chen (Shanghai NewCore Biotechnology Co., Ltd.) for providing data analysis and visualization support.





二维码 公众号 管理页

简介
输入数据说明
论文例子
输入示例数据

输出示例

引用信息

二维码


提交出图

	A	B	C	D	E	F	G
1	group	A	A	A	B	B	B
2	sample	A-1	A-2	A-3	B-1	B-2	B-3
3	ICA1	5.7	11.7	9.9	5.7	4.5	3.2
4	DBNDD1	9.43	10.67	9.39	3.4	2.5	2.3
5	ALS2	10.59	9.89	8.5	4.2	5.75	2.5
6	CASP10	10.38	10.2	8.5	5.1	2.8	2.4
7	CFLAR	5.75	10.85	10.9	3.9	4.2	2.8
8	TFPI	9.82	10.45	8.5	2.5	3.4	3.5
9	NDUFAF7	8.9	11.02	10.33	5.75	2.4	5.75
10	RBM5	10.59	10.67	9.94	6.55	5.75	5.55
11	MTMR7	2.5	5.2	3.5	9.21	9.76	11.47
12	SLC7A2	3.5	4.2	2.5	9.21	11.78	5.75
13	ARF5	4.5	3.2	2.7	9.89	10.72	8.81
14	SARM1	3.5	2.2	1.9	10.85	9.76	9.73
15	POLDIP2	3.5	4.2	3.5	11.33	9.76	10.49
16	PLXND1	5.1	1.2	5.75	11.22	9.76	8.81

用前必读

用前必读

重要

- 1, 使用excel存储并调整数据, 然后拷贝、粘贴到输入框  不用手输
- 2, 先用输入框下方的“输入检查”按钮检查输入, 通过后再作图
- 3, 表头请勿使用#, <, >, %, (,)等特殊符号。默认仅支持英文字符
- 4, 使用inkscape或者AI修改文字、字体, 图例, 处理截断
- 5, [生信项目合作](#), 提交bug、发文引用换积分, 请加管理员微信 (页面右下)

[人工客服](#) [基因名转换](#) [FC,P转换](#) [常用配色](#) [需求及bug提交](#) [pdf转图片](#)

有问题请提交人工客服
约24h内回复

必需输入

简要提示

必需输入 [聚类热图视频教程](#) [文字教程](#)

请勿上传超过5000行的矩阵

数据较少 (直接拷贝数据并粘贴到输入框) :

输入为矩阵形式

第1行: 组名

第2行: 样品名

第3+行: 数据

数据较多 (上传制表符分割的txt文件, 英文文件名)

选择文件

未选择文件

示例

输入检查

视频/文字教程
(部分模块缺)

数据粘贴框
(数据较少,
直接拷贝、粘贴)

数据上传按钮
(数据较多, 上传制表符分
割的txt文件, 英文文件名)

对数据进行初步检查, 并提示错误
载入示例数据

数据中存在 **1** 个错误, 请逐一修正

错误: 第 **5** 行的列数跟首行的列数不一致, 请修正

可选参数：不同模块不一样

可选输入

图片大小
图片宽度: ; 图片高度:

字体大小
行 (基因名) 字体大小:
列 (样品名) 字体大小:

颜色
低颜色: ; 中间颜色: ; 高颜色:

字体
 Times New Roman Arial

一般包括:

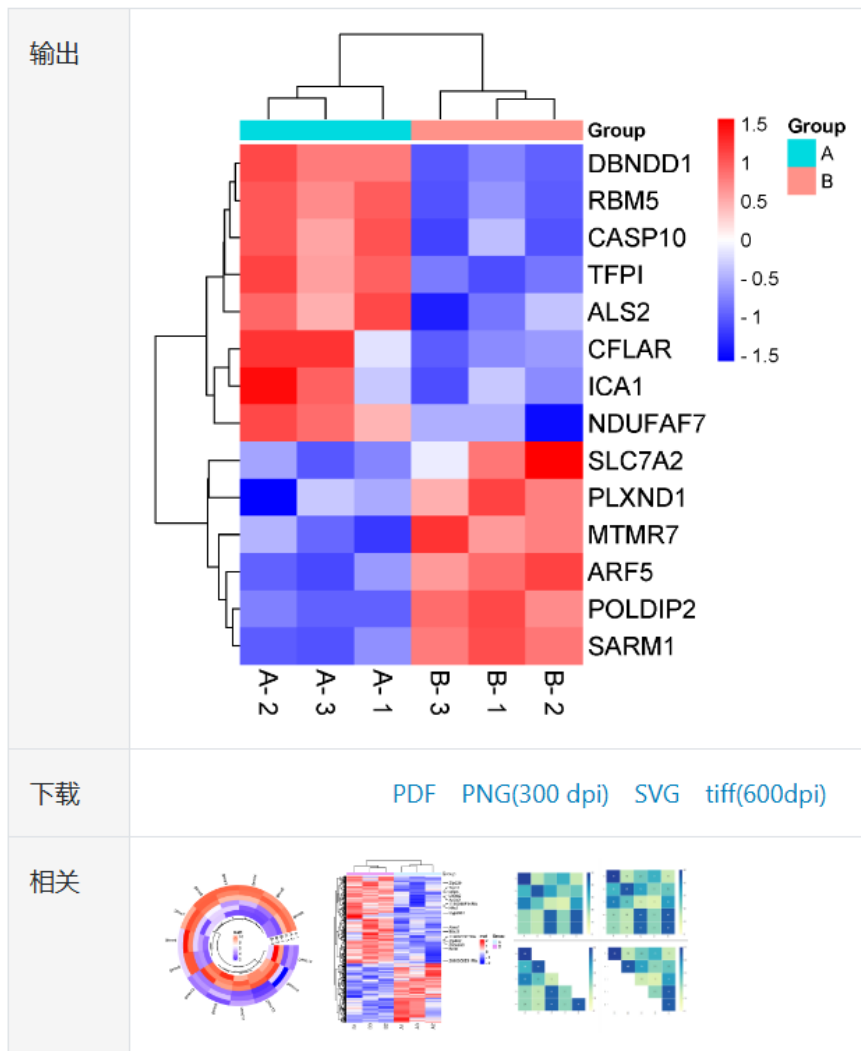
图片大小: 宽度、高度

字体大小: 轴说明, 轴刻度, legend等

颜色: 16进制, 例如FF0000表示红色

字体: Times New Roman或者Arial

输出



输出图预览

四种图片格式下载

相关图形

- 矢量图
 - pdf
 - svg
- 标量图
 - png
 - tiff

微生信云平台 用户密码、数据保密性

字段信息

Field	Type	Comment
id	int(11)	
password	varchar(128)	
last_login	datetime(6)	
is_superuser	tinyint(1)	
username	varchar(150)	
first_name	varchar(30)	
last_name	varchar(30)	
email	varchar(254)	
is_staff	tinyint(1)	
is_active	tinyint(1)	
date_joined	datetime(6)	
danwei	varchar(150)	
yanjiufangxiang	varchar(150)	
qq	varchar(50)	
weixin	varchar(50)	
weibi	int(11)	

用户密码在数据库中以**PBKDF2加密**存储

id	password	last_login	is_superuser	username	first_name	last_name	email	is_staff
1	pbkdf2_sha256\$36000\$o2NLEWDqwYv1\$mugSadf...dn+Fur...meM0trXjTz16+r9EMM6G7IEVI=	2024-11-02	0	admin@qq.			admin@qq.	1
12	pbkdf2_sha256\$36000\$cPIrzzMBriInN\$LTkqEzjRHWj...q7aDQ88XYui1aHiJozOCX6zDBC=	2020-02-02	0	xhhuang16			xhhuang16	0
15	pbkdf2_sha256\$36000\$9ePVADx66vjX\$XC8YPqvr+...eb...Uixz7hfK7gAbhKKdUup9uwMjew=	2024-08-07	0	mjlpure@1			mjlpure@	0
16	pbkdf2_sha256\$36000\$8elrj2TSjG8M\$PcBy...AIBkGd7UnF...e+pk2Bs5ycOXOSiAGYRaeHw=	2024-10-03	0	112141728			112141728	0

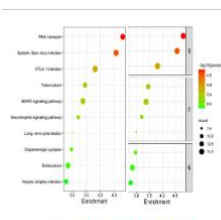
email	is_staff	is_active	date_joined	danwei	yanjiufangxiang	qq	weixin	weibi
admin@qq.	1	1	2020-01-26 06:15:00.000000	(NULL)	(NULL)	(NULL)	(NULL)	9976
xhhuang16	0	1	2020-02-02 06:24:00.000000	(NULL)	(NULL)	(NULL)	(NULL)	48
mjlpure@	0	1	2020-03-06 07:09:53.312463					48

```
def timestamp_hash(timestamp, email):  
    """  
    字符串来自两块:  
    1, 用户名  
    2, 时间戳  
    说明: 仅用时间戳的话, 有可能会有同一时间, 不同人做同一件事  
    加上用户名就避免了, 因为一个人, 不能在同一时间做两件事  
    """  
    newstring = timestamp + '.' + email  
    m1 = hashlib.md5()  
    m1.update(newstring)  
    return m1.hexdigest()[8:-8]
```

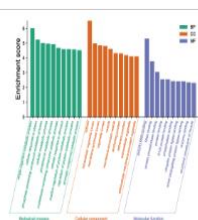
结果文件名以**32位哈希加密 (取16位)**
后台也查不到哪个结果对应哪个提交者
并且结果会**4h后自动删除**

- 011a86c3e2807bbe.png
- 011a86c3e2807bbe.tiff.gz
- 5ada96e7f2ebe6ef.pdf
- 5ada96e7f2ebe6ef.svg.gz
- 5ada96e7f2ebe6ef.png
- 5ada96e7f2ebe6ef.tiff.gz
- 3c18d0238eae80ef.pdf
- 3c18d0238eae80ef.svg.gz
- 3c18d0238eae80ef.png
- 3c18d0238eae80ef.tiff.gz
- 44f37824c258ecec.svg.gz
- 44f37824c258ecec.pdf

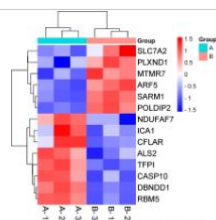
270+款在线图，总有一款适合你



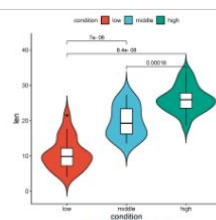
富集气泡图
enrichment dot bubble



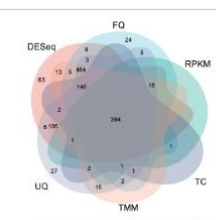
BP,CC,MF三合一
enrichment GO term



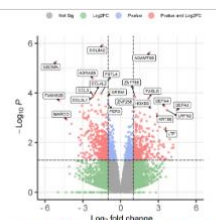
聚类图_热图
cluster heatmap



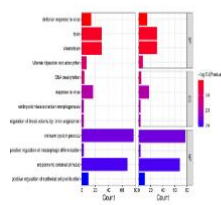
小提琴图
violin box



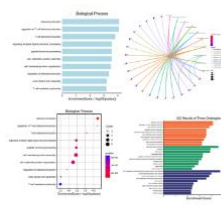
4/5/6/7元文恩图
venn diagram



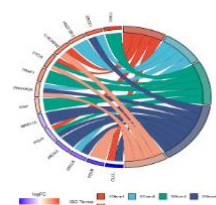
带基因标注的火山图
volcano plot



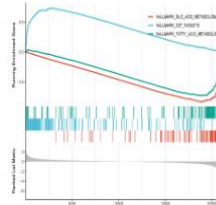
带颜色富集条形图
bar with color gradient



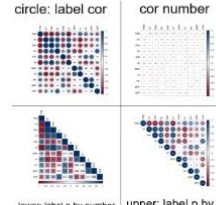
GO_KEGG富集分析
go kegg pathway enrichment



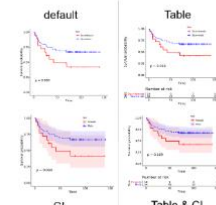
GO_Pathway弦图
Gene Ontology, chord



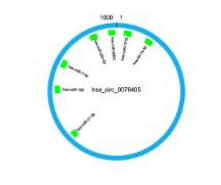
GSEA基因集富集分析
gsea gene set genesets



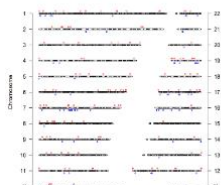
相关系数图
correlation, corrplot



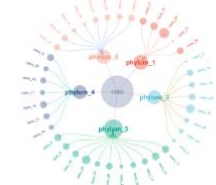
KM生存曲线
KM survival curve



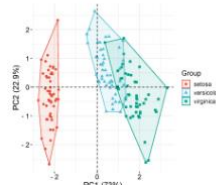
环状RNA-miRNA图
circRNA miRNA circle



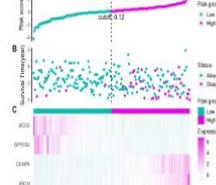
染色体分布图
peak chromosome distribution



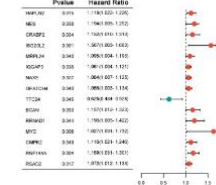
三层圆形网络图
circle network



主成分分析
principal components analysis



风险得分三联图
risk score



森林图
forest plot hazard ratio

致谢

- 感谢团队成员：易哥、麦哥、黄工、张工、王博、曾博、王姐、一姐、陆姐、唐姐
- 感谢网友：曾鹏，马越，丁保朋，骨头菌，网，海阔天空，想飞的鱼，赤道不下雪，ysj，爱笑的女孩儿，Dannia，曾令杰，Permament，Liber，奥特曼，王医生…
- 感谢认可并支持我们的朋友们，把微生信推荐给了身边的同学、同事和朋友…
- 同时，特别感谢[上海纽科生物科技有限公司](#)以及家人的鼓励和支持！