

# 设计说明书

基本信息				
团队名称	汉堡啊哈哈			
应用名称	scRNAagent			
姓名（组长）	学号	所在院系	专业	电话
蒋先翰	21301030002	药学院	药学	18939924438
创作目的				
<p>（请简述设计项目的核心目标、待解决问题、应用场景和目标用户画像，限 1000 字以内）</p> <p>1、核心目标</p> <p>建立首个面向单细胞测序的全流程 AI 驱动注释系统，推动生物信息学与人工智能交叉领域发展。期望能够缩短单细胞数据分析周期，将传统流程需 2-3 天的分析流程缩短至系统实现分钟级处理；通过多模型集成降低人为误标率，提升注释准确性。</p> <p>2、待解决问题</p> <p>在整个单细胞分析的工作流程中，细胞注释整个单细胞分析的基础，也是重中之重。后续的所有分析，都要基于正确的细胞类型进行；如果细胞类型注释错误，这对我们下游的分析结果而言，会导致全部出错。而细胞注释也是整个流程中难度最大，过程最繁琐的一环，同时极具主观性，对操作者的经验要求非常高。</p> <p>近年来，agent 智能体的出现为生信分析领域带来了一定的便利。智能体在使用大语言模型 LLM 进行推理的基础上，还能够整合各种工具，并且智能体之间可以相互协作，极大增加了 AI 的适用范围，并且减少了人工介入的可能性。</p> <p>因此我们希望借用智能体这样一个新兴的技术尝试解决单细胞测序细胞注释的流程，减轻生信工作者的工作负担同时能够为小白科研人员提供一个良好的工具。</p> <p>3、应用场景和目标用户画像</p> <p>生信工作者：减轻其工作负担，可以有很高的参考价值</p> <p>小白科研工作者：可以利用该程序完成自己个性化的基本细胞注释，满足科研上的需求</p>				
创意说明				
<p>（请简述设计理念的创新性、核心优势和技术实现路径，比如需要调用哪些平台能力模块、计划如何与大模型交互等，限 1000 字以内）</p> <p>本课题创新性地将 AI Agent 技术深度整合到单细胞测序细胞注释领域，构建了首个全流程自动化注释系统。设计上突破传统分析流程的静态局限性，通过动态代理型 workflow 实现“自动注释-手动引导-未识别聚类分析”三阶段协作：自动注释代理调用 Seurat、SingleR 等算法生成初步标签；手动注释代理基于用户输入的物种、组织类型和目标细胞类型等信息，动态检索 CellMarker、UniProt 等知识库生成针对性标记基因列表，并通过评分系统验证结果；反思代理则在标签冲突时触发 FindAllMarker 重新聚类分析。这种多代理协作机制结合了 LLM 的推理能力（如 GPT-4/BioMedLM 的任务分解与知识引导）与生物信息学工具链，将传统需 2-3 天的分析缩短至分钟级，且通过网页端自然语言交互界面降低使用门槛。</p>				

系统核心优势体现在动态决策能力、知识融合机制（整合肿瘤微环境特征库提升注释特异性）和结果可解释性（同步输出标签表格与 UMAP 可视化图谱）。技术实现上依托 FastAPI 后端协调代理 workflow，前端构建交互界面，本地化部署轻量化 LLM（如 LLaMA-3-8B）处理敏感数据，并通过 ReAct 框架实现 LLM 与工具链的动态交互（如触发 SingleR 算法或调用知识库修正模糊标签）。该系统为单细胞注释提供了高效、可扩展的自动化解决方案，推动精准医学研究向更高通量、更低人工依赖的方向发展。