

学号 2017300030039

密级

# 武汉大学本科毕业论文

## 基于 GRN 的垂体基因表达差异分析

院（系）名 称：弘毅学堂

专 业 名 称：计算机科学与技术

学 生 姓 名：郑晖

指 导 教 师：蔡朝晖 副教授

二〇二一年四月



# 郑 重 声 明

本人呈交的学位论文，是在导师的指导下，独立进行研究工作所取得的成果，所有数据、图片资料真实可靠。尽我所知，除文中已经注明引用的内容外，本学位论文的研究成果不包含他人享有著作权的内容。对本论文所涉及的研究工作做出贡献的其他个人和集体，均已在文中以明确的方式标明。本学位论文的知识产权归属于培养单位。

本人签名：\_\_\_\_\_

日期：\_\_\_\_\_



## 摘 要

摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要  
要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容摘要内容

摘要内容应概括地反映出本论文的主要内容,主要说明本论文的研究目的、内容、方法、成果和结论。要突出本论文的创造性成果或新见解,不要与引言相混淆。语言力求精练、准确。在摘要的下方另起一行,注明本文的关键词(3-5个)。摘要与关键词应在同一页。

**关键词：**GRN；系统性神经炎症；垂体

## ABSTRACT

This is abstract. This is abstract. This is abstract. This is abstract. This is abstract.  
This is abstract. This is abstract. This is abstract.

The content of English abstract is the same as Chinese abstract. The last line is  
English keywords (3–5 keywords).

**Key words:** GRN; systemic neuroinflammation; pituitary

# 目 录

1	绪论 .....	1
1.1	模板概述 .....	1
1.2	格式要求 .....	1
1.3	各节一级标题 .....	1
1.3.1	各节二级标题 .....	1
1.4	字体字号 .....	1
2	公式插图表格 .....	3
2.1	公式的使用 .....	3
2.2	插图的使用 .....	3
2.3	表格的使用 .....	3
2.3.1	普通表格 .....	4
2.3.2	跨页表格 .....	4
2.4	列表的使用 .....	6
2.4.1	有序列表 .....	6
2.4.2	不计数列表 .....	6
2.5	数学环境的使用 .....	6
3	引用与链接 .....	9
3.1	脚注 .....	9
3.2	引用文中小节 .....	9
3.3	引用参考文献 .....	9
3.4	链接相关 .....	9
4	其它格式 .....	11
4.1	代码 .....	11

4.1.1	原始代码 .....	11
4.1.2	算法描述/伪代码 .....	11
4.2	绘图 .....	11
4.3	单位 .....	11
4.4	物理符号 .....	12
4.5	写在最后 .....	12
<b>参考文献</b> .....		13
<b>致谢</b> .....		17
<b>附录 A 数据</b> .....		19
A.1	第一个测试 .....	19



# 1 绪论

## 1.1 模板概述

与 Word 等所见即所得编辑工具不同，使用  $\text{\LaTeX}$  工具排版可以将写作与排版过程分离，写作者只需要关心文字的部分，而剩下的排版工作全部交给工具自动完成。

## 1.2 格式要求

正文字号宋体小四，正文行间距固定为 23 点 (point, pt, Word 中译作“磅”)。

空格键和 Tab 键输入的空白字符视为“空格”。连续的若干个空白字符视为一个空。一行开头的空格忽略不计。

行末的回车视为一个空格；但连续两个回车，也就是空行，会将文字分段。多个空行被视为一个空行。也可以在行末使用 `\par` 命令分段。

使用 `%` 进行注释。在这个字符之后直到行末，所有的字符都被忽略，行末的回车也不引入空格。

## 1.3 各节一级标题

我是内容

### 1.3.1 各节二级标题

你是内容

#### 1.3.1.1 各节三级标题

他是内容

#### (1) 四级标题

内容内容

#### ①五级标题

内容内容

## 1.4 字体字号

宋体 黑体

**伪粗体**

*伪斜体*

***伪粗斜体***。



## 2 公式插图表格

### 2.1 公式的使用

在文中引用公式可以这么写： $a^2 + b^2 = c^2$ 。这是勾股定理，它还可以表示为  $c = \sqrt{a^2 + b^2}$ 。还可以让公式单独一段并且加上编号：

$$\sin^2 \theta + \cos^2 \theta = 1 \quad (2.1)$$

注意，公式前请不要空行。

还可以通过添加标签在正文中引用公式，如式 (2.1)。

我们还可以轻松打出一个漂亮的矩阵：

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 & 4 \\ 11 & 22 & 33 & 44 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 22 & 24 \\ 32 & 34 \\ 42 & 44 \\ 52 & 54 \end{bmatrix} \quad (2.2)$$

或者多行对齐的公式：

$$\begin{aligned} f_1(x) &= (x + y)^2 \\ &= x^2 + 2xy + y^2 \end{aligned} \quad (2.3)$$

模板使用了 `unicode-math` 包更改数学字体。所以在使用数学字体时，尽量使用 `unicode-math` 包提供的 `\sym` 接口，详情请阅读 `unicode-math` 文档。

### 2.2 插图的使用

$\text{\LaTeX}$  环境下可以使用常见的图片格式：JPEG、PNG、PDF 等。当然也可以使用  $\text{\LaTeX}$  直接绘制矢量图形，可以参考 `pgf/tikz` 等包中的相关内容。需要注意的是，无论采用什么方式绘制图形，首先考虑的是图片的清晰程度以及图片的可理解性，过于不清晰的图片将可能会浪费很多时间。

`[htbp]` 选项分别是此处、页顶、页底、独立一页。`[width=\textwidth]` 让图片占满整行，或 `[width=2cm]` 直接设置宽度。可以随时在文中进行引用，如图 2.1，建议缩放时保持图像的宽高比不变。

### 2.3 表格的使用

表格的输入可能会比较麻烦，可以使用在线的工具，如 Tables Generator 能便捷地创建表格，也可以使用离线的工具，如 Excel2LaTeX 支持从 Excel 表格转换成  $\text{\LaTeX}$  表格。LaTeX/Tables 上及 Tables in LaTeX 也有更多的示例能够参考。



图 2.1 插图示例

### 2.3.1 普通表格

下面是一些普通表格的示例：

表 2.1 简单表格

我是	一只	普通
的	表格	呀

也可以使用 booktabs 包创建三线表。

表 2.2 一般三线表

姓名	学号	性别
张三	001	男
李四	002	女

三线表中三条横线分别使用 `\toprule`、`\midrule` 与 `\bottomrule`。另可使用 `\cmidrule{m-n}` 添加  $m-n$  列的横线线。

要创建占满给定宽度的表格需要使用到 `tabularx` 包提供的 `tabularx` 环境。引用表格与其它引用一样，只需要表 2.3。

### 2.3.2 跨页表格

跨页表格常用于附录（把正文懒得放下的实验数据统统放在附录的表中）。一般使用 `longtable` 包提供的 `longtable` 环境。若要创建占满给定宽度的跨页表格，可以使用 `xltabular` 包提供的 `xltabular` 环境，使用方法与 `longtable` 类似。以下是一个文字宽度的跨页表格的示例：



接上一页

1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6
1	0	5	1	2	3	4	5	6

## 2.4 列表的使用

下面演示了创建有序及无序列表，如需其它样式，[LaTeX Lists](#) 上有更多的示例。

### 2.4.1 有序列表

这是一个计数的列表

1. 第一项
  - (a) 第一项中的第一项
  - (b) 第一项中的第二项
2. 第二项
  - (i) 第一项中的第一项
  - (ii) 第一项中的第二项
3. 第三项

### 2.4.2 不计数列表

这是一个不计数的列表

- 第一项
  - 第一项中的第一项
  - 第一项中的第二项
- 第二项
- 第三项

## 2.5 数学环境的使用

模板简单定义了 8 种数学环境，具体见表 2.5，使用方法如下所示。

表 2.5 模板定义的数学环境

theorem 定理	definition 定义	lemma 引理	corollary 推论
proposition 性质	example 例	remark 注	proof 证明

**定理 2.5.1:** 设向量  $\boldsymbol{a} \neq \mathbf{0}$ , 那么向量  $\boldsymbol{b} \parallel \boldsymbol{a}$  的充分必要条件是: 存在唯一的实数  $\lambda$ , 使  $\boldsymbol{b} = \lambda \boldsymbol{a}$ 。

**定义 2.5.1:** 这是一条定义。

**引理 2.5.1:** 这是一条引理。

**推论 2.5.1:** 对数轴上任意一点  $P$ , 轴上有向线段  $\overrightarrow{OP}$  都可唯一地表示为点  $P$  的坐标与轴上单位向量  $\boldsymbol{e}_u$  的乘积:  $\overrightarrow{OP} = ue_u$ 。

**性质 2.5.1:** 这是一条性质。

**例 2.5.1:** 这是一条例。

**注 2.5.1:** 这是一条注。

**证明:** 留作练习。 □

若要定义自己的数学环境, 可通过如下代码实现:

```
\newtheorem{nonsense}{胡说}
\newtheorem*{bullshit}{八道}
```

其中, 带星号 \* 的命令不会自动编号。

**胡说 1:** 啊吧啊吧啊吧。

**八道:** 不啦不啦不啦。





## 3 引用与链接

### 3.1 脚注

注释是对论文中特定名词或新名词的注解。注释可用页末注或篇末注的一种。选择页末注的应在注释与正文之间加细线分隔，线宽度为 1 点，线的长度不应超过纸张的三分之一宽度。同一页类列出多个注释的，应根据注释的先后顺序编排序号。字体为宋体 5 号，注释序号以“①、②”等数字形式标示在被注释词条的右上角。页末或篇末注释条目的序号应按照“①、②”等数字形式与被注释词条保持一致，脚注序号每面更新。示例：这里有个注释<sup>①</sup>。

### 3.2 引用文中小节

如引用小节 3.2

### 3.3 引用参考文献

这是一个参考文献引用的范例 [? ]

还可以采用上标的引用方式<sup>[? ]</sup>

引用多个文献 [? ? ? ]

文献引用需要配合 BibTeX 使用，很多工具可以直接生成 BibTeX 文件（如 EndNote、NoteExpress、百度学术、谷歌学术等），此处不作介绍。

### 3.4 链接相关

模板使用了 hyperref 包处理相关链接，使用 \href 可以生成超链接，默认不显示链接颜色。如果需要输出网址，可以使用 \url 命令，示例：<https://github.com>。

---

<sup>①</sup>我是解释注释的



## 4 其它格式

### 4.1 代码

#### 4.1.1 原始代码

朴实的代码块：

使用 `verbatim` 环境可以得到如下原样的输出。

```
print("Hello world!")
```

使用 `listings` 包提供的 `lstlisting` 环境可以对代码进行进一步的格式化，`minted` 包所提供的 `minted` 环境还可以对代码进行高亮。更多定制功能请自行参照文档配置。

#### 4.1.2 算法描述/伪代码

参考 `Algorithms` 与 `algorithm2e` 文档，给出一个简单的示例，见算法 1。

**Result:** Write here the result

initialization;

**while** *While condition* **do**

    instructions;

**if** *condition* **then**

        instructions1;

**else**

        instructions3;

**end**

**end**

算法 1 如何写算法

### 4.2 绘图

关于使用  $\text{\LaTeX}$  绘图的更多例子，请参考 `Pgfplots package`。一般建议使用如 Photoshop、PowerPoint 等制图，再转换成 PDF 等格式插入。

### 4.3 单位

单位的输入请使用 `siunitx` 包中提供的 `\si` 与 `\SI` 命令。在以前， $\text{\LaTeX}$  中输入角度需要使用 `\text{\textcircled{}}` 的奇技淫巧，现在只需要 `\ang` 命令解决问题。当然 `siunitx` 包中还提供了不少其他有用的命令，有需要的可以自行阅读 `siunitx` 文档。

## 4.4 物理符号

`physics` 宏包可以让用户更加方便、简洁地使用、输入物理符号，具体也请自行阅读 `physics` 文档。示例如下

$$\begin{aligned}\int_0^{\frac{\pi}{2}} |\sin x| \, dx &= 2 \int_0^{\pi} \sin x \, dx \\ &= -2 \cos x \Big|_0^{\pi} \\ &= 4\end{aligned}\tag{4.1}$$

## 4.5 写在最后

工具不重要，对工具的合理运用才重要。希望本模板对大家的论文写作有所帮助。

## 参考文献

- [1] CHEN Q, LESHKOWITZ D, BLECHMAN J, et al. Single-cell molecular and cellular architecture of the mouse neurohypophysis[J]. *Eneuro*, 2020, 7(1).
- [2] CHEUNG L Y, GEORGE A S, MCGEE S R, et al. Single-cell RNA sequencing reveals novel markers of male pituitary stem cells and hormone-producing cell types[J]. *Endocrinology*, 2018, 159(12): 3910–3924.
- [3] FLETCHER P A, SMILJANIC K, MASO PRÉVIDE R, et al. Cell type-and sex-dependent transcriptome profiles of rat anterior pituitary cells[J]. *Frontiers in Endocrinology*, 2019, 10: 623.
- [4] HAMMOND T R, DUFORT C, DISSING-OLESEN L, et al. Single-cell RNA sequencing of microglia throughout the mouse lifespan and in the injured brain reveals complex cell-state changes[J]. *Immunity*, 2019, 50(1): 253–271.
- [5] HO Y, HU P, PEEL M T, et al. Single-cell transcriptomic analysis of adult mouse pituitary reveals sexual dimorphism and physiologic demand-induced cellular plasticity[J]. *Protein & Cell*, 2020: 1–19.
- [6] KEREN-SHAUL H, SPINRAD A, WEINER A, et al. A unique microglia type associated with restricting development of Alzheimer's disease[J]. *Cell*, 2017, 169(7): 1276–1290.
- [7] LI Q, CHENG Z, ZHOU L, et al. Developmental heterogeneity of microglia and brain myeloid cells revealed by deep single-cell RNA sequencing[J]. *Neuron*, 2019, 101(2): 207–223.
- [8] MASUDA T, SANKOWSKI R, STASZEWSKI O, et al. Spatial and temporal heterogeneity of mouse and human microglia at single-cell resolution[J]. *Nature*, 2019, 566(7744): 388–392.
- [9] MASUDA T, AMANN L, SANKOWSKI R, et al. Novel Hexb-based tools for studying microglia in the CNS[J]. *Nature Immunology*, 2020, 21(7): 802–815.
- [10] MATCOVITCH-NATAN O, WINTER D R, GILADI A, et al. Microglia development follows a stepwise program to regulate brain homeostasis[J]. *Science*, 2016, 353(6301).

- [11] TRAAG V A, WALTMAN L, van ECK N J. From Louvain to Leiden: guaranteeing well-connected communities[J]. Scientific reports, 2019, 9(1) : 1 – 12.
- [12] KURIMOTO K, YABUTA Y, OHINATA Y, et al. An improved single-cell cDNA amplification method for efficient high-density oligonucleotide microarray analysis[J]. Nucleic acids research, 2006, 34(5) : e42 – e42.
- [13] TANG F, BARBACIORU C, WANG Y, et al. mRNA-Seq whole-transcriptome analysis of a single cell[J]. Nature methods, 2009, 6(5) : 377 – 382.
- [14] ISLAM S, KJÄLLQUIST U, MOLINER A, et al. Characterization of the single-cell transcriptional landscape by highly multiplex RNA-seq[J]. Genome research, 2011, 21(7) : 1160 – 1167.
- [15] SVENSSON V, VENTO-TORMO R, TEICHMANN S A. Exponential scaling of single-cell RNA-seq in the past decade[J]. Nature protocols, 2018, 13(4) : 599 – 604.
- [16] SCHMIDT W M, MUELLER M W. CapSelect: a highly sensitive method for 5' CAP-dependent enrichment of full-length cDNA in PCR-mediated analysis of mRNAs[J]. Nucleic acids research, 1999, 27(21) : e31 – i.
- [17] HASHIMSHONY T, SENDEROVICH N, AVITAL G, et al. CEL-Seq2: sensitive highly-multiplexed single-cell RNA-Seq[J]. Genome biology, 2016, 17(1) : 77.
- [18] KIVIOJA T, VÄHÄRAUTIO A, KARLSSON K, et al. Counting absolute numbers of molecules using unique molecular identifiers[J]. Nature methods, 2012, 9(1) : 72 – 74.
- [19] PAN X, DURRETT R E, ZHU H, et al. Two methods for full-length RNA sequencing for low quantities of cells and single cells[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2013, 110(2) : 594 – 599.
- [20] CHAPMAN A R, HE Z, LU S, et al. Single cell transcriptome amplification with MALBAC[J]. PLoS One, 2015, 10(3) : e0120889.
- [21] LIU S, TRAPNELL C. Single-cell transcriptome sequencing: recent advances and remaining challenges[J]. F1000Research, 2016, 5.
- [22] JUNKER J P, van OUDENAARDEN A. Every cell is special: genome-wide studies add a new dimension to single-cell biology[J]. Cell, 2014, 157(1) : 8 – 11.
- [23] RAMSKÖLD D, LUO S, WANG Y-C, et al. Full-length mRNA-Seq from single-

cell levels of RNA and individual circulating tumor cells[J]. Nature biotechnology, 2012, 30(8): 777–782.

- [24] PICELLI S, BJÖRKLUND Å K, FARIDANI O R, et al. Smart-seq2 for sensitive full-length transcriptome profiling in single cells[J]. Nature methods, 2013, 10(11): 1096–1098.
- [25] SELYE H. Stress and the general adaptation syndrome[J]. British medical journal, 1950, 1(4667): 1383.





## 致谢

以简短的文字表达作者对完成论文和学业提供帮助的老师、同学、领导、同事及亲属的感激之情。



附录 A 数据

A.1 第一个测试

测试公式编号

$1 + 1 = 2.$

(A.1)

表格编号测试

表 A.1 测试表格

11	13	13	13	13
12	14	13	13	13