

肺癌和癌旁组织单细胞数据对比分析

2023-11-27

LiChuang Huang



@ 立效研究院

Contents

1 摘要	1
2 材料和方法	1
2.1 方法	1
3 分析结果	1
4 结论	1
5 附：分析流程	1
5.1 癌组织切片分析	1
5.1.1 空间转录组数据前处理与可视化	1
5.1.2 癌细胞鉴定	2
5.1.3 细胞比例分析	4
5.2 癌旁组织切片分析	5
5.2.1 空间转录组数据前处理与可视化	5
5.2.2 细胞比例分析	6
5.3 癌组织和癌旁组织整合分析	7
5.3.1 集成癌组织和癌旁组织数据	7
5.3.2 巨噬细胞的亚群分析	8
5.3.3 巨噬细胞亚群间差异分析	9
5.3.4 巨噬细胞亚群间差异功能分析	10
5.3.4.1 M3 vs M1	10
5.3.4.2 M2 vs M1	11
5.3.4.3 M3 vs M2	12
Reference	13

List of Figures

1	Cancer tissue SCSA annotation	2
2	Cancer tissue copyKAT prediction of aneuploidy	3
3	Cancer tissue cell mapped of copyKAT prediction	4
4	Cancer tissue cell proportion	5
5	Paracancerous tissue SCSA annotation	6
6	Paracancerous tissue cell proportion	7
7	Integrated The cell type	8
8	Macrophage subtypes The regroup hclust	8
9	Macrophage subtypes gene module heatmap	9
10	Macrophage subtypes contrasts DEGs intersection	10
11	Macrophage 3 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways	11
12	Macrophage 2 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways	12

13	Macrophage 3 vs Macrophage 2 GSEA plot of the pathways	13
----	--	----

List of Tables

1 摘要

- 分析不同组织样本中各细胞比例的情况，包括上皮细胞（肿瘤细胞或正常乳腺细胞）、淋系细胞、髓系细胞等等。
- 对比肺癌与癌旁组织中各细胞的比例，分析在肺癌进展过程中细胞成分的变化，探索在肺癌进展过程中是否出现新的细胞亚群。
- 进化树分析（trajectory analysis）揭示在肺癌进展过程中细胞分化与进化的情况。

2 材料和方法

2.1 方法

Mainly used method:

- ClusterProfiler used for GSEA enrichment.¹
- Monocle3 used for cell pseudotime analysis.^{2,3}
- Seurat used for scRNA-seq processing; SCSA used for cell type annotation.⁴⁻⁶
- Seurat used for spatial scRNA-seq analysis.^{4,5}
- Other R packages used for statistic analysis or data visualization.

3 分析结果

4 结论

5 附：分析流程

5.1 癌组织切片分析

5.1.1 空间转录组数据前处理与可视化

使用 Seurat 前处理空间转录组数据集，完成降维聚类，使用 SCSA 对细胞进行注释。

Figure 1 (下方图) 为图 Cancer tissue SCSA annotation 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Cancer-tissue-SCSA-annotation.pdf`)

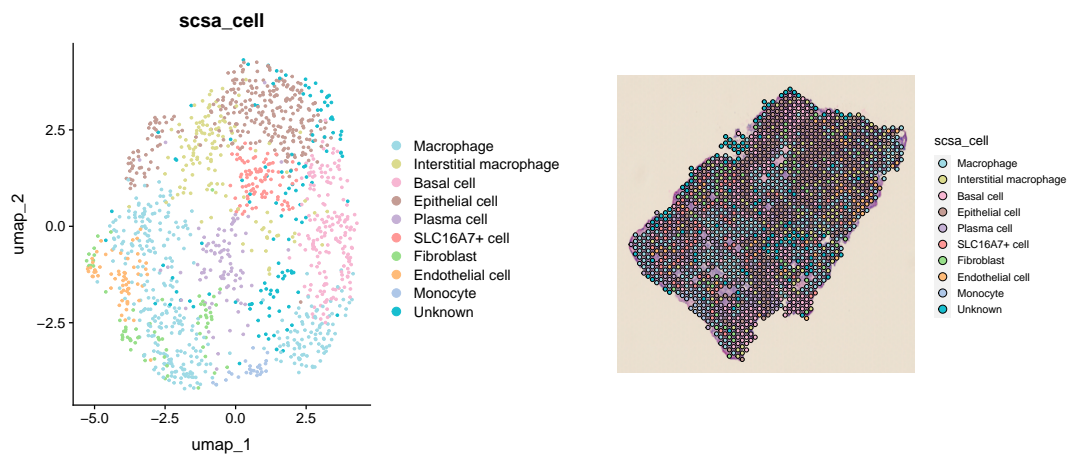


Figure 1: Cancer tissue SCSA annotation

5.1.2 癌细胞鉴定

- 使用 copyKAT 鉴定癌细胞。

Figure 2 (下方图) 为图 Cancer tissue copyKAT prediction of aneuploidy 概览。

(对应文件为 Figure+Table/copykat_heatmap.png)

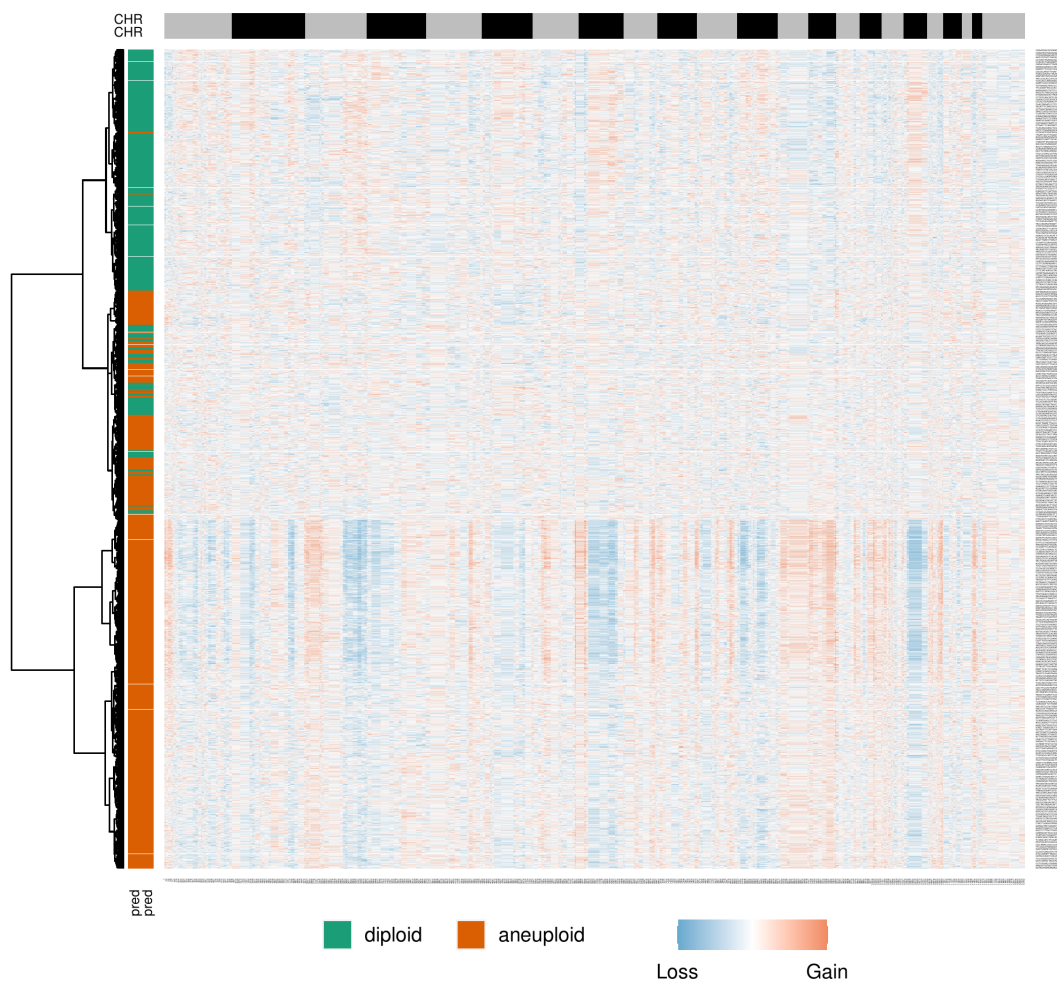


Figure 2: Cancer tissue copyKAT prediction of aneuploidy

Figure 3 (下方图) 为图 Cancer tissue cell mapped of copyKAT prediction 概览。

(对应文件为 **Figure+Table/Cancer-tissue-cell-mapped-of-copyKAT-prediction.pdf**)

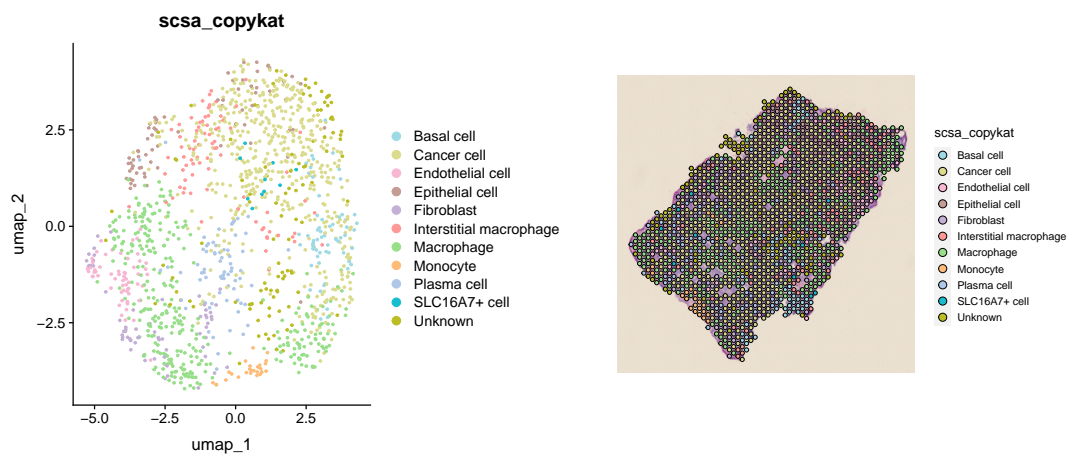


Figure 3: Cancer tissue cell mapped of copyKAT prediction

5.1.3 细胞比例分析

Figure 4 (下方图) 为图 Cancer tissue cell proportion 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Cancer-tissue-cell-proportion.pdf`)

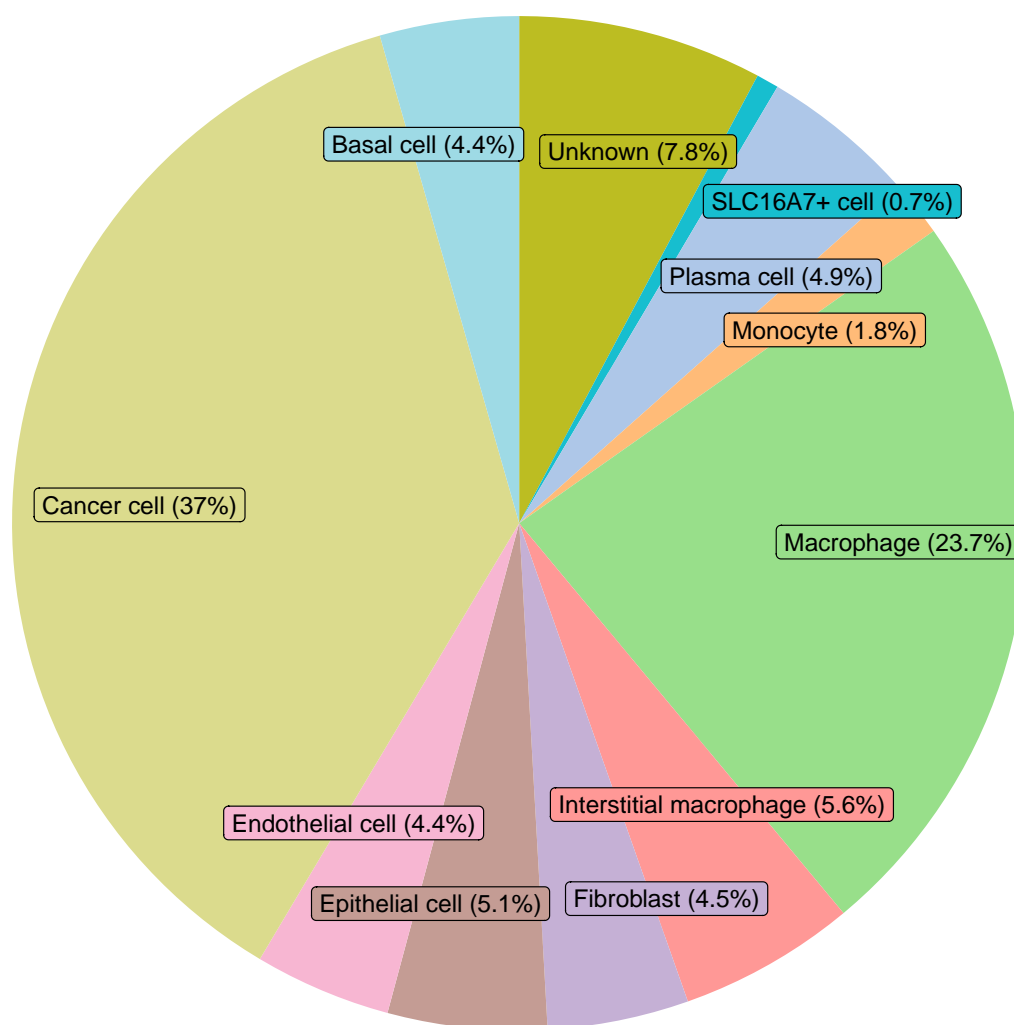


Figure 4: Cancer tissue cell proportion

5.2 癌旁组织切片分析

5.2.1 空间转录组数据前处理与可视化

使用 Seurat 前处理空间转录组数据集，完成降维聚类，使用 SCSA 对细胞进行注释。

Figure 5 (下方图) 为图 Paracancerous tissue SCSA annotation 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Paracancerous-tissue-SCSA-annotation.pdf`)

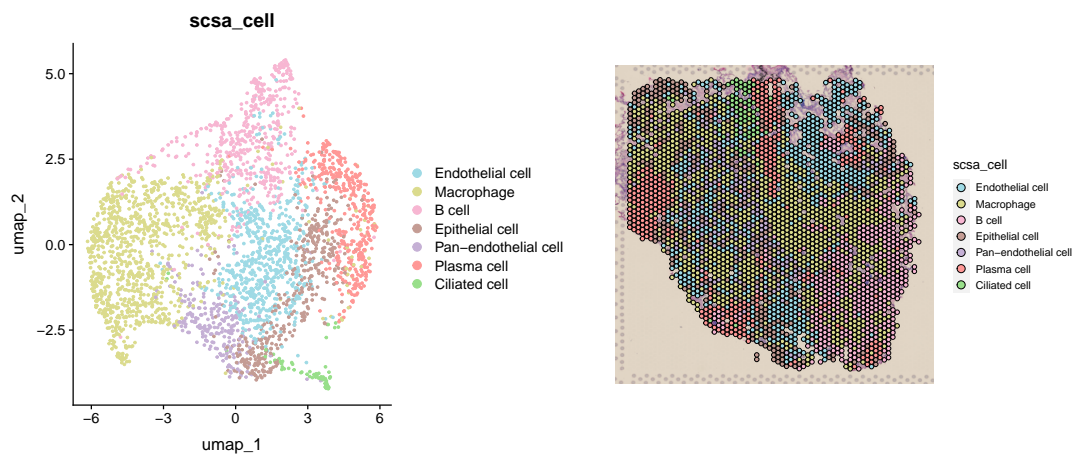


Figure 5: Paracancerous tissue SCSA annotation

5.2.2 细胞比例分析

Figure 6 (下方图) 为图 Paracancerous tissue cell proportion 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Paracancerous-tissue-cell-proportion.pdf`)

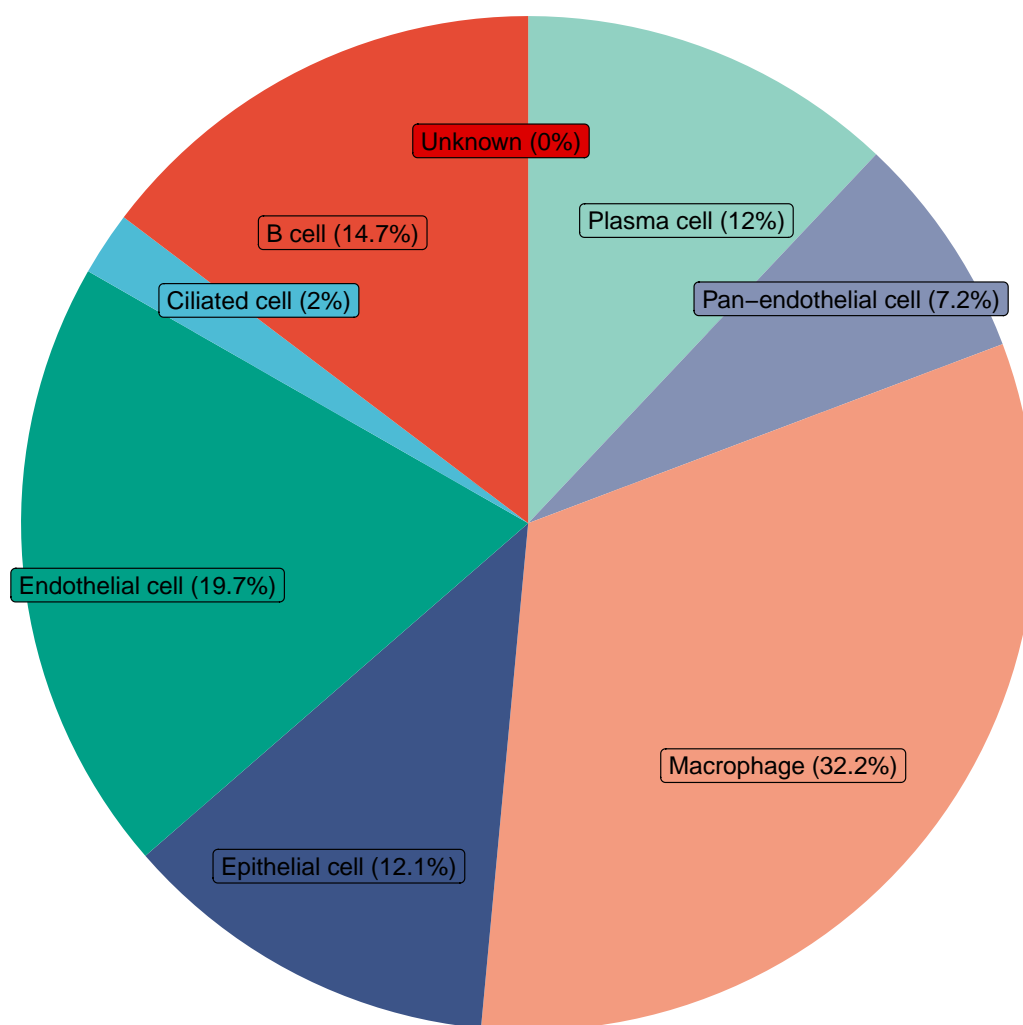


Figure 6: Paracancerous tissue cell proportion

5.3 癌组织和癌旁组织整合分析

5.3.1 集成癌组织和癌旁组织数据

Figure 7 (下方图) 为图 Integrated The cell type 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Integrated-The-cell-type.pdf)

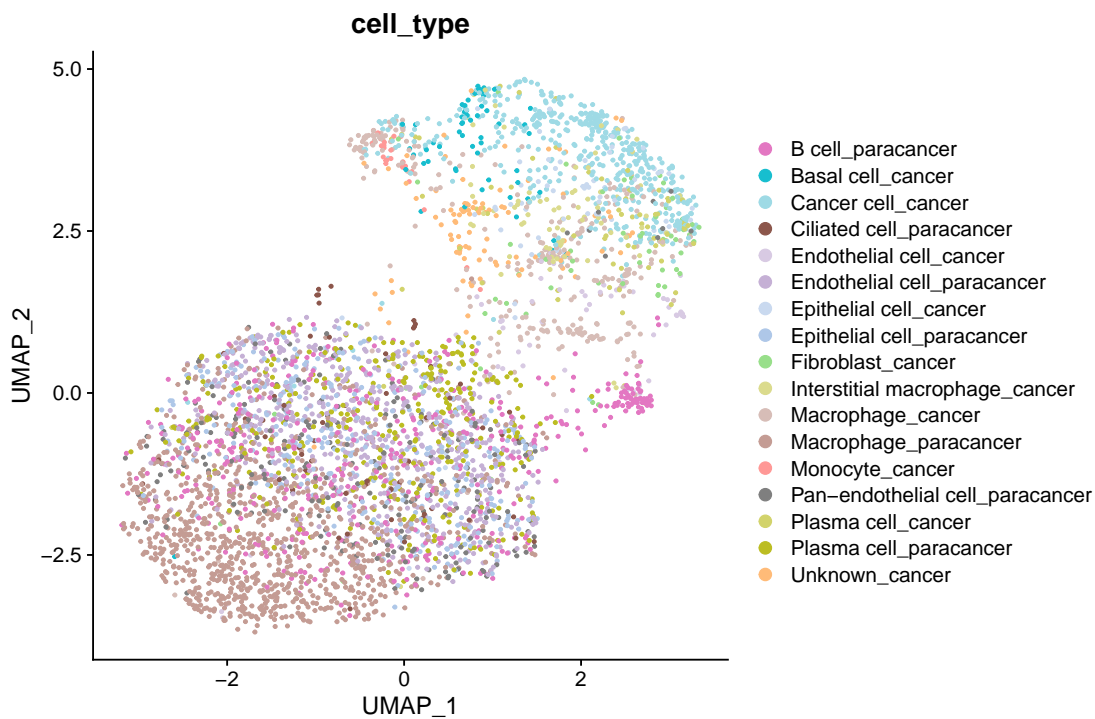


Figure 7: Integrated The cell type

5.3.2 巨噬细胞的亚群分析

Figure 8 (下方图) 为图 Macrophage subtypes The regroup hclust 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Macrophage-subtypes-The-regroup-hclust.pdf)

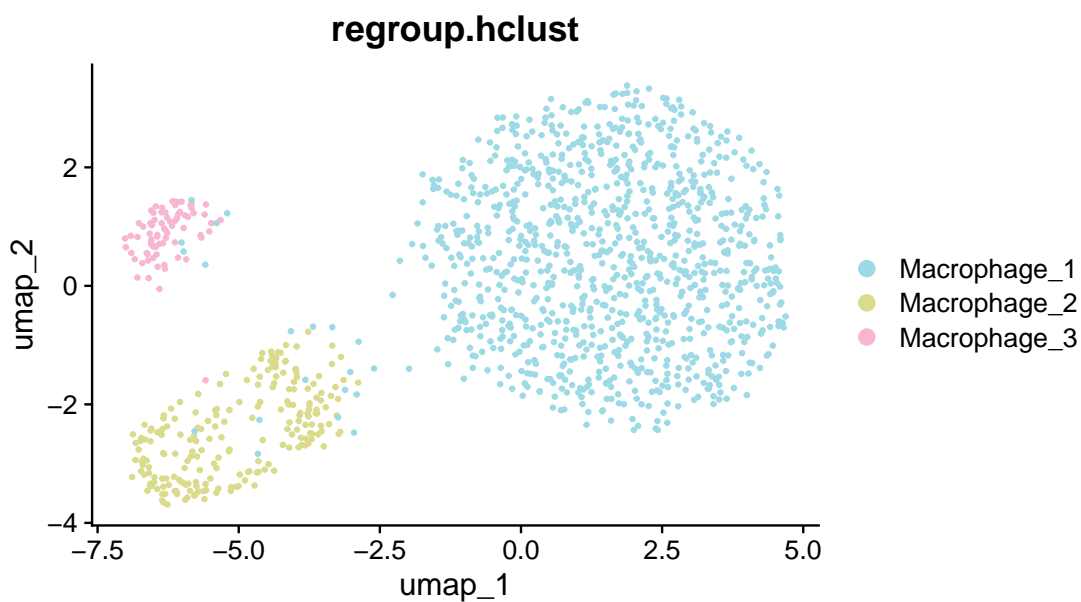


Figure 8: Macrophage subtypes The regroup hclust

Figure 9 (下方图) 为图 Macrophage subtypes gene module heatmap 概览。

(对应文件为 [Figure+Table/Macrophage-subtypes-gene-module-heatmap.pdf](#))

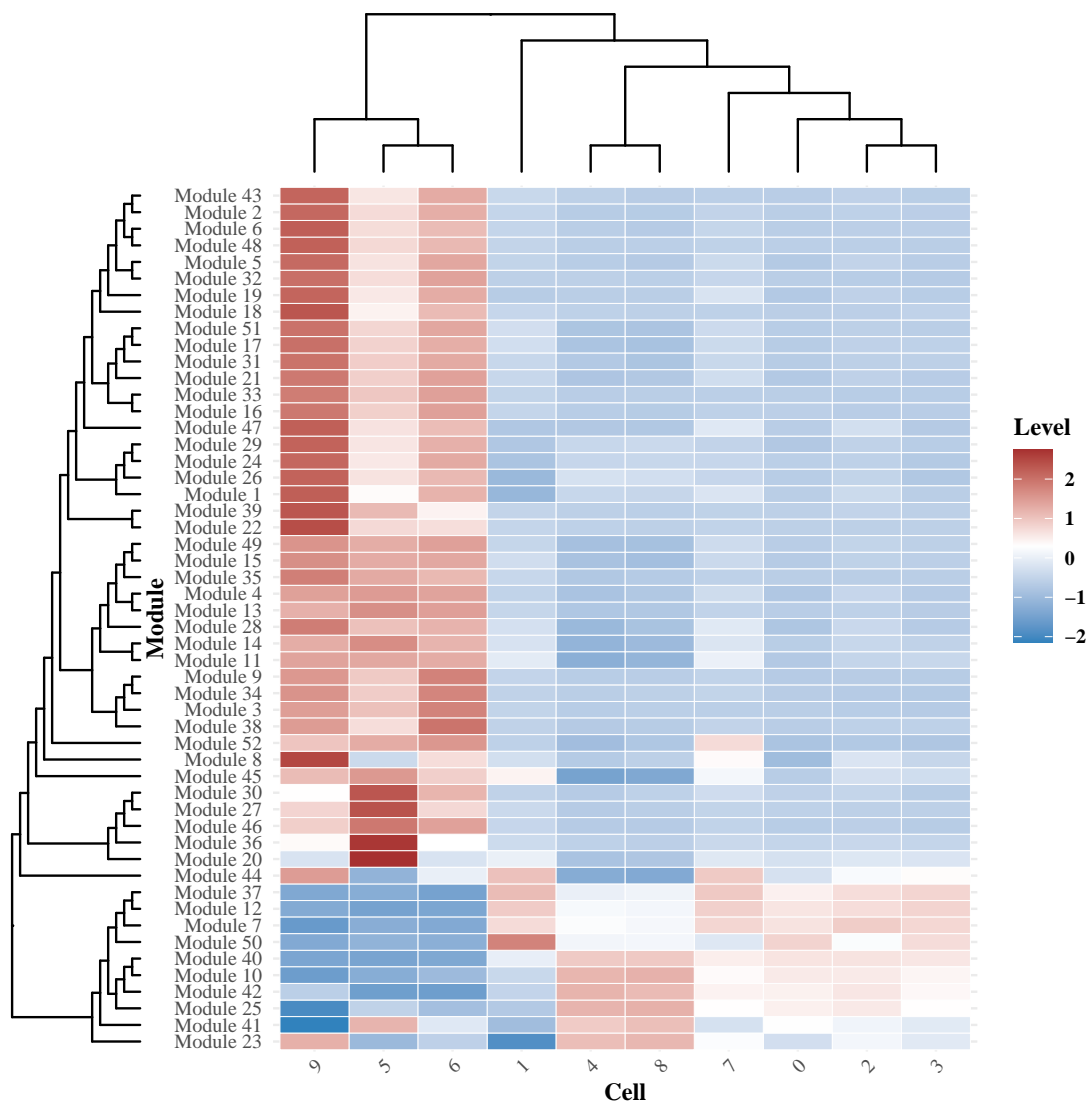


Figure 9: Macrophage subtypes gene module heatmap

5.3.3 巨噬细胞亚群间差异分析

Figure 10 (下方图) 为图 Macrophage subtypes contrasts DEGs intersection 概览。

(对应文件为 [Figure+Table/Macrophage-subtypes-contrasts-DEGs-intersection.pdf](#))

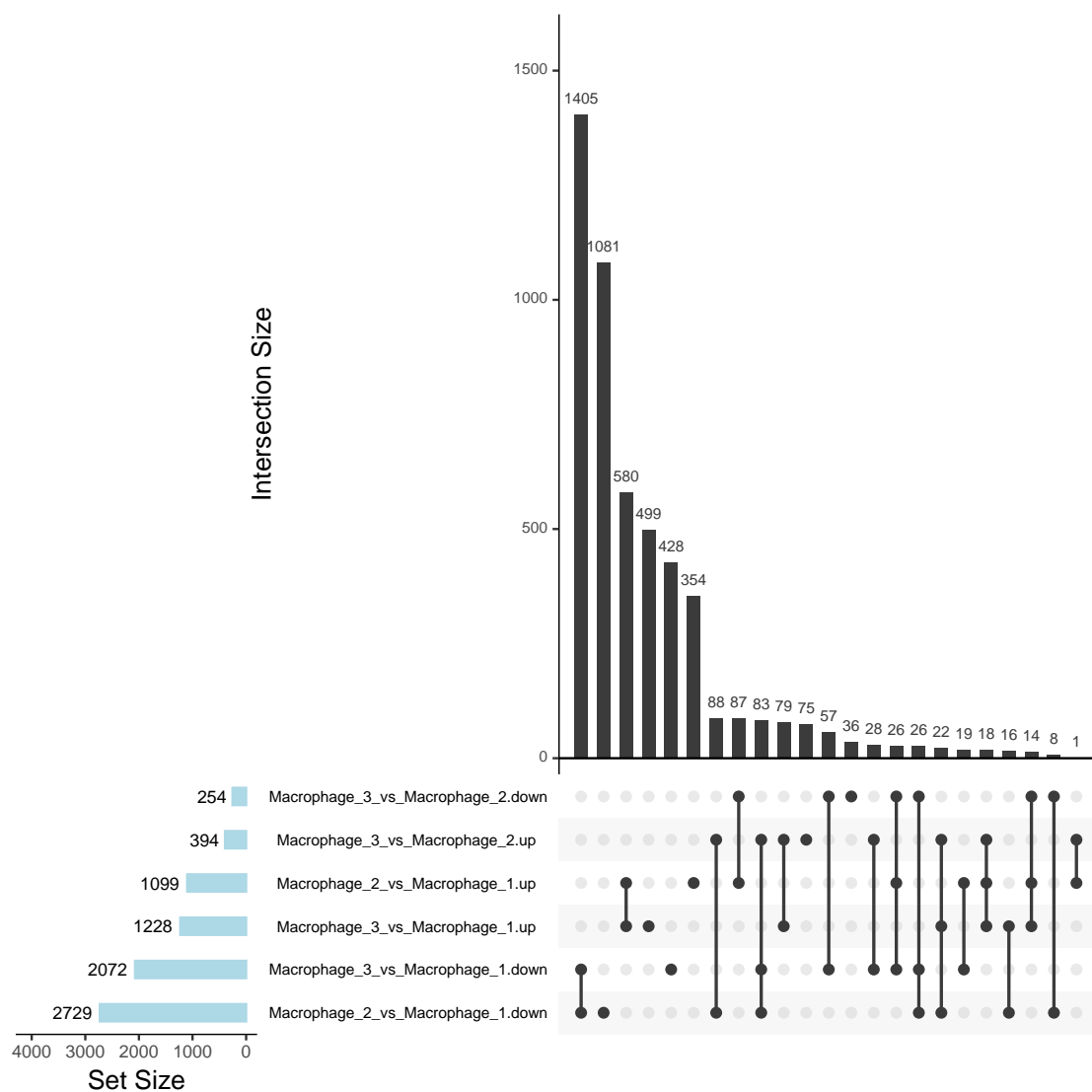


Figure 10: Macrophage subtypes contrasts DEGs intersection

5.3.4 巨噬细胞亚群间差异功能分析

5.3.4.1 M3 vs M1 Figure 11 (下方图) 为图 Macrophage 3 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Macrophage-3-vs-Macrophage-1-GSEA-plot-of-the-pathways.pdf)

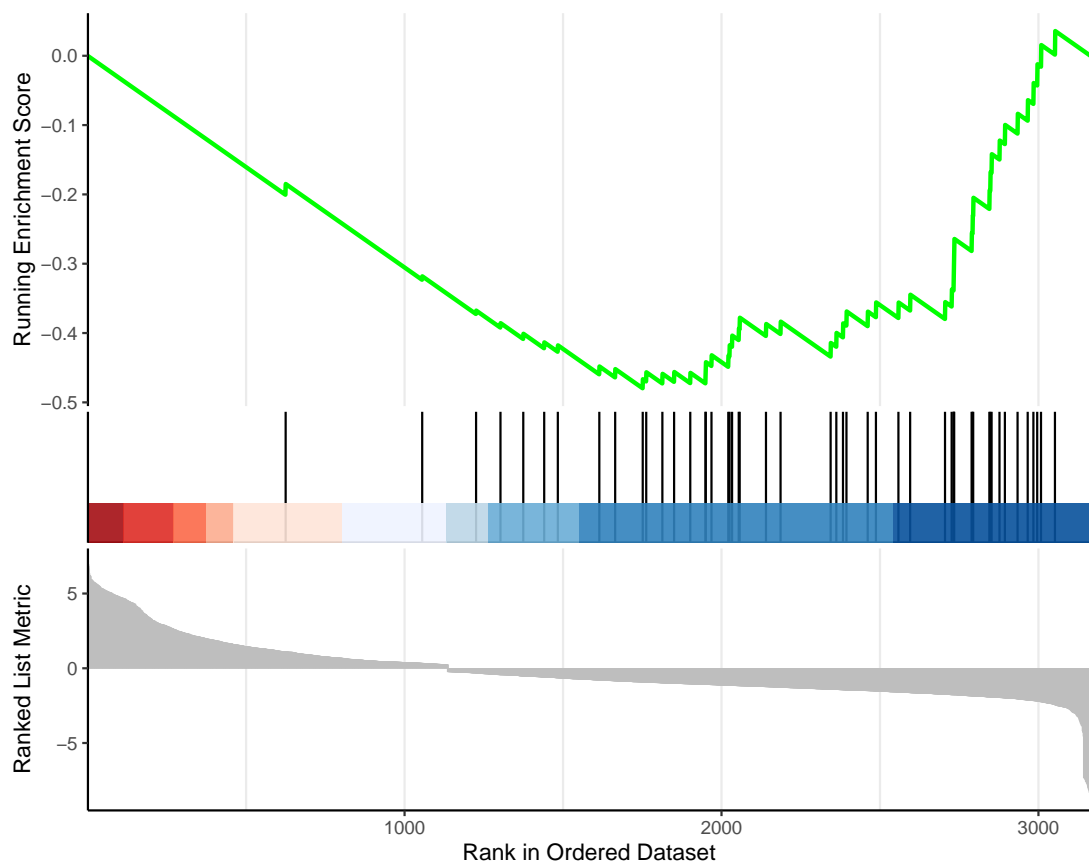


Figure 11: Macrophage 3 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways

5.3.4.2 M2 vs M1 Figure 12 (下方图) 为图 Macrophage 2 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Macrophage-2-vs-Macrophage-1-GSEA-plot-of-the-pathways.pdf`)

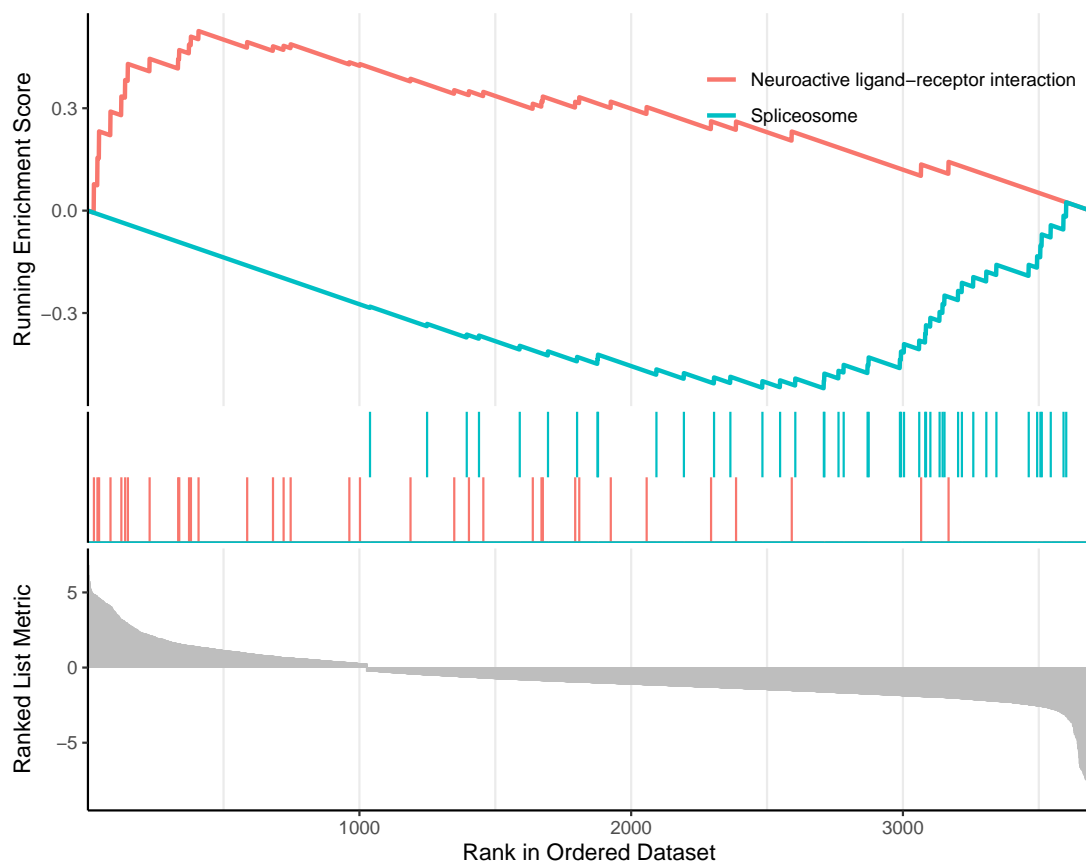


Figure 12: Macrophage 2 vs Macrophage 1 GSEA plot of the pathways

5.3.4.3 M3 vs M2 Figure 13 (下方图) 为图 Macrophage 3 vs Macrophage 2 GSEA plot of the pathways 概览。

(对应文件为 `Figure+Table/Macrophage-3-vs-Macrophage-2-GSEA-plot-of-the-pathways.pdf`)

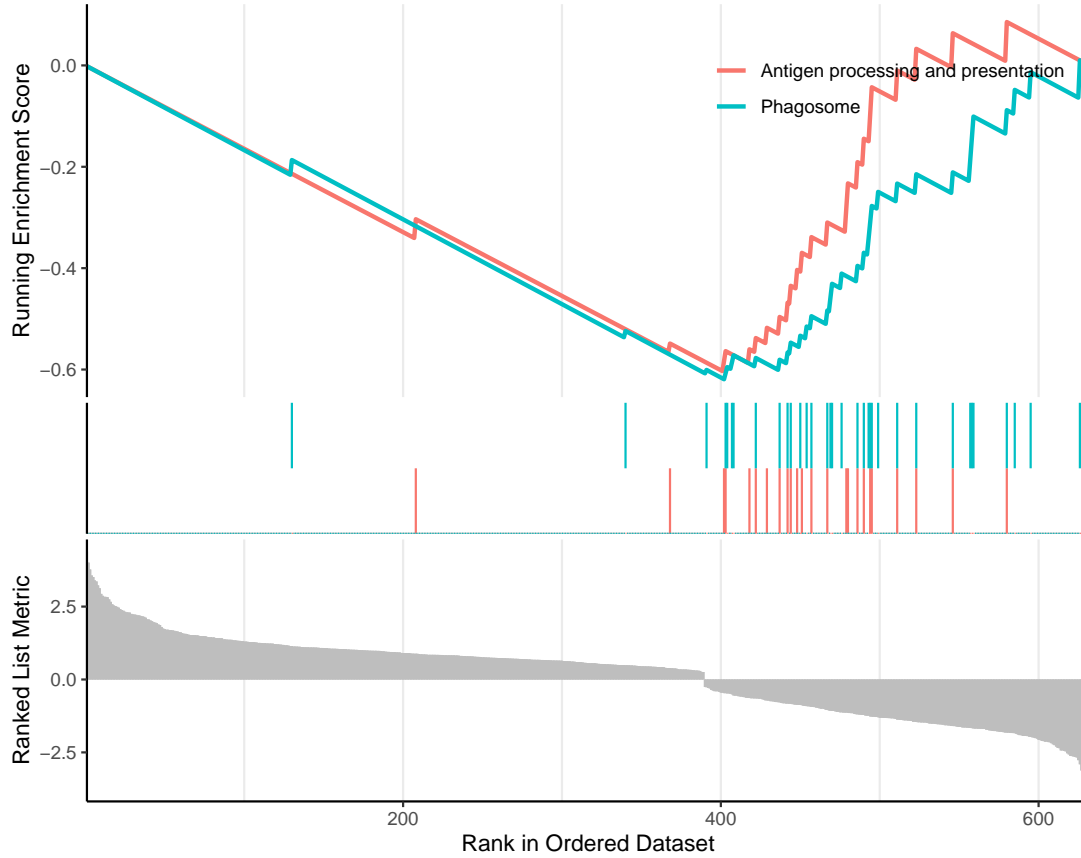


Figure 13: Macrophage 3 vs Macrophage 2 GSEA plot of the pathways

Reference

1. Wu, T. *et al.* ClusterProfiler 4.0: A universal enrichment tool for interpreting omics data. *The Innovation* **2**, (2021).
2. Qiu, X. *et al.* Reversed graph embedding resolves complex single-cell trajectories. *Nature Methods* **14**, (2017).
3. Trapnell, C. *et al.* The dynamics and regulators of cell fate decisions are revealed by pseudotemporal ordering of single cells. *Nature Biotechnology* **32**, (2014).
4. Hao, Y. *et al.* Integrated analysis of multimodal single-cell data. *Cell* **184**, (2021).
5. Stuart, T. *et al.* Comprehensive integration of single-cell data. *Cell* **177**, (2019).
6. Cao, Y., Wang, X. & Peng, G. SCSA: A cell type annotation tool for single-cell rna-seq data. *Frontiers in genetics* **11**, (2020).