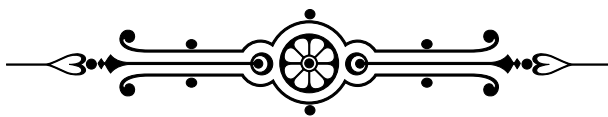


2024-06-24

LiChuang Huang



@ 立效研究院



Contents

1	摘要	1
2	具体优化	1
2.1	目录	1
2.2	Figure	1
2.2.1	组图	1
2.2.2	分图	2
2.3	Table	4
2.4	附加文件	5
2.5	分析流程	6
2.5.1	自动化生成标题	6
2.5.2	AI 注释 (ChatGPT 4 分析流程说明)	7
2.6	原代码 (如必要)	8

1 摘要

使用 Rmarkdown + Latex + 自定义的 R 程序，在分析的同时，生成美观、规范的报告文档。

2 具体优化

2.1 目录

- 除了内容目录，还提供图片索引、表格索引。



Contents

1 摘要	1
2 前言	1
3 目录	-

Figure 1: Unnamed chunk 5



List of Figures

1 MAIN Fig 1	2
2 MAIN Fig 2	3
3 MAIN Fig 3	5
4 MAIN Fig 4	6
5 MAIN Fig 5	7

Figure 2: Unnamed chunk 6



List of Tables

1 INTEGRATE all features	10
2 INTEGRATE Significant differences features	12
3 TOPS data of enrichment with algorithm PageRank	15
4 TOPS data of enrichment with algorithm Hypergeom	16
5 FLUX data Cancer cell vs Epithelial cell Peritumoral cell DEGs	24

Figure 3: Unnamed chunk 7

2.2 Figure

2.2.1 组图

- 图片所在定位。

-

(对应文件为 Figure+Table/MAIN-Fig-1.pdf)



./Figure+Table/INTEGRATE-PCA-plot.pdf
./Figure+Table/INTEGRATE-boxplot-of-top-features.pdf
./Figure+Table/TOPS-enrichment-with-algorithm-PageRank.pdf
./Figure+Table/Tops-Compounds-hypergeom-KEGG-enrichment.pdf

2.2.2 分图

- 特定 Figure，将自动触发类似如下参数注释

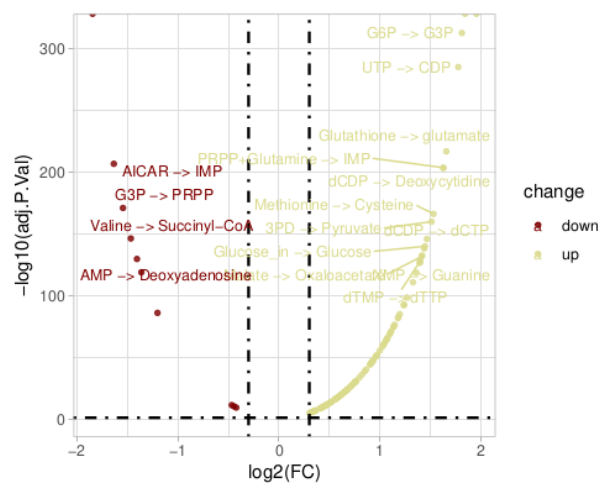


Figure 17: FLUX Cancer cell vs Epithelial cell Peritumoral cell DEGs

adj.P.Val cut-off :

0.05

Log2(FC) cut-off :

0.3

(上述信息框内容已保存至 Figure+Table/FLUX-Cancer-cell-vs-Epithelial-cell-Peritumoral-cell-DEGs-content)

Figure 5: Unnamed chunk 9

Figure 18 (下方图) 为图 Intersection of Diff flux with Diff meta 概览。
(对应文件为 Figure+Table/Intersection-of-Diff-flux-with-Diff-meta.pdf)

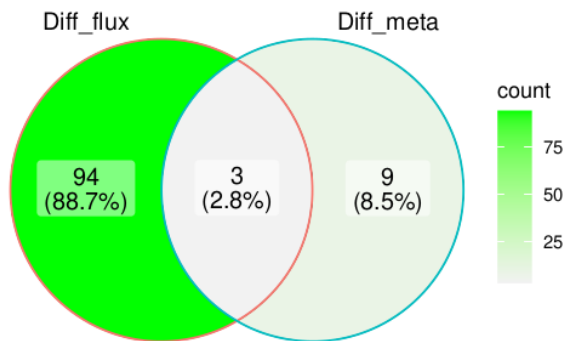


Figure 18: Intersection of Diff flux with Diff meta

All_intersection :
C00105, C00025, C00020

(上述信息框内容已保存至 Figure+Table/Intersection-of-Diff-flux-with-Diff-meta-content)

Figure 6: Unnamed chunk 10

2.3 Table

- 类似 Figure 的文件定位。
- 所有提供的表格，都将在报告中提供概览。
- 必要内容，可触发自动列名称注释。

注：表格共有 11 行 12 列，以下预览的表格可能省略部分数据；含有 11 个唯一 ‘rownames’。

1. logFC: estimate of the log2-fold-change corresponding to the effect or contrast (for ‘topTableF’ there may be several columns of log-fold-changes)
2. AveExpr: average log2-expression for the probe over all arrays and channels, same as ‘Amean’ in the ‘MarrayLM’ object
3. t: moderated t-statistic (omitted for ‘topTableF’)
4. P.Value: raw p-value
5. B: log-odds that the gene is differentially expressed (omitted for ‘topTreat’)

Table 6: FLUX intersection flux data

rownames	logFC	AveExpr	t	P.Value	adj.P.Val	B	name	gene	compounds
M_153	-1.841...	1.0340...	-65.06...	0	0	783.55...	UMP ->...	CANT1 ...	UMP CDP
M_25	1.6541...	-1.192...	42.502...	4.1359...	1.1511...	490.93...	Glutat...	GGCT ...	Glutat...
M_138	-1.403...	3.0980...	-28.95...	1.6973...	1.4918...	289.23...	AMP ->...	AK1 ...	AMP ...
M_48	1.3245...	8.1225...	26.060...	1.5888...	1.0613...	245.58...	Glutam...	GLS ...	Glutam...
M_136	1.0740...	2.0540...	18.875...	2.0959...	8.9750...	141.81...	IMP ->...	ADSL ...	IMP AMP
M_151	1.0350...	-1.063...	17.944...	5.9310...	2.2511...	129.29...	Orotid...	UMPS	Orotid...
M_150	0.9279...	-6.182...	15.560...	1.2410...	3.9857...	98.702...	PRPP -...	UMPS	PRPP ...
M_139	0.9134...	-1.242...	15.256...	5.2227...	1.5858...	94.975...	AMP ->...	ADK ...	AMP ...
M_26	0.8463...	4.3980...	13.888...	5.9781...	1.6921...	78.784...	Glutam...	GCLC ...	Glutam...
M_51	0.6412...	3.5247...	10.081...	9.6264...	2.0349...	39.403...	Glutam...	GLUD1 ...	Glutam...
M_152	0.5810...	2.7901...	9.0453...	8.6957...	1.6885...	30.383...	UMP ->...	DPYD ...	UMP ...

Figure 7: Unnamed chunk 11

2.4 附加文件

包含附加文件时，触发对文件注释说明。



'Feature image visualizations' 数据已全部提供。

(对应文件为 Figure+Table/Feature-image-visualizations)

27



注：文件夹 Figure+Table/Feature-image-visualizations 共包含 4 个文件。

1. 1_Feature_13_C00025.pdf
2. 2_Feature_25_C00025.pdf
3. 3_Feature_123_C00105.pdf
4. 4_Feature_131_C00020.pdf



Figure 8: Unnamed chunk 12

2.5 分析流程

2.5.1 自动化生成标题

- 标题格式为：分级 + 方法 + 分析内容 + 标记
- 分析与标题生成同步，分析结束后，可借程序生成如下内容，发送 AI 获取注释 (见 2.5.2)

请根据最后所附的“提示性标题”，构建分析方法的总体思路的描述性文字（对应于各个标题），以供我将各部分分析结果套入其中，让我不必一一撰写引入、衔接、收尾的句子；随后，需要将这些描述性文字按照“实际呈现的标题”撰写段落（如果我没有提供该标题内容，则给出空的内容）。注意，请不要在描述性文字中提及标题括号内的文字；返回的结果需要保留我提供的标题（还有等级），也就是你需要在对应的标题下提供文字；根据我的说明，你应该给出两部分的结果，例如：

总结内容

(对应“实际呈现的标题”)

分节内容

(对应“提示性标题”)

实际呈现的标题：

提示性标题：

```
# 附：分析流程 {#workflow}
## GEO 数据获取 (GALLSTONE)
## Biomart 基因注释 (REFSEQ)
## Limma 差异分析 (GALLSTONE)
## 代谢物 代谢物 基因 差异数据
```

Figure 9: Unnamed chunk 13

2.5.2 AI 注释 (ChatGPT 4 分析流程说明)

结合自动标题，可对分析流程进行 AI 注释，嵌入文档。

6 附：分析流程

6.1 空间代谢组数据分析

空间代谢组数据分析包括数据收集、预处理和分析。使用不同的分析工具和方法，我们可以揭示样本中代谢物的空间分布和变化情况。这部分的重点是数据的整合和分析流程的描述，以确保结果的准确性和可重复性。

6.1.1 Cardinal 空间代谢组数据分析 (INTEGRATE)

Cardinal 是一种用于空间代谢组数据分析的强大工具，能够处理和分析高维数据。通过对数据进行整合和分析，我们可以揭示样本中代谢物的空间分布和动态变化，从而为进一步的生物学研究提供线索。

Figure 10: Unnamed chunk 14

2.6 原代码 (如必要)

- 如必要, 可生成代码块, 与分析内容一一对应。

6.4.3.2 Wnt 通路基因的表达

- scRNA-seq, Scar vs Skin (Fibroblast, Pericyte), TP53 ↓, APCDD1 ↑
- RNA-seq, 姜黄素给药, TP53 ↑, APCDD1 ↓

```
R input

scDeps.wnt <- dplyr::filter(sr@params$HN_group, gene %in% genes.wnt$geneName_list)
scDeps.wnt

scCell.degWnt <- which(ids(sr, "scsa_cell", F) %in% c("Fibroblast", "Pericyte"))
scCell.degWnt

sr <- mutate(sr, cellType_group = gs(group_cellType, "^([_]+)_(.*)", "\\2\\1"))
p.hpWnt <- map(sr, scDeps.wnt$gene, group.by = "cellType_group", cells = scCell.degWnt)
p.hpWnt

p.focScDegWnt <- focus(getsub(sr, cells = scCell.degWnt),
  scDeps.wnt$gene, group.by = "cellType_group"
)
p.focScDegWnt$p.vln
```

Table 4 (下方表格) 为表格 Wnt DEGs of Curcumin affected 概览。

Figure 11: Unnamed chunk 15