Report of Analysis

Huang LiChuang of Wie-Biotech

Contents

1	test	1
2	生信评估	9
R	erence	10
\mathbf{L}	st of Figures	
	1 Test	2
	2 Report test	3
	3 Test figure out of line	4
	4 Plot with ggplot2	5
	5 Heatdata	7
	6 Grob	9
\mathbf{L}	st of Tables	
	1 Mtcars	5
1	test	
Fi	ıre 1为图 test 概览。	
(X	应文件为/2023_06_30_eval/figs/370_into_1cxw.png)	

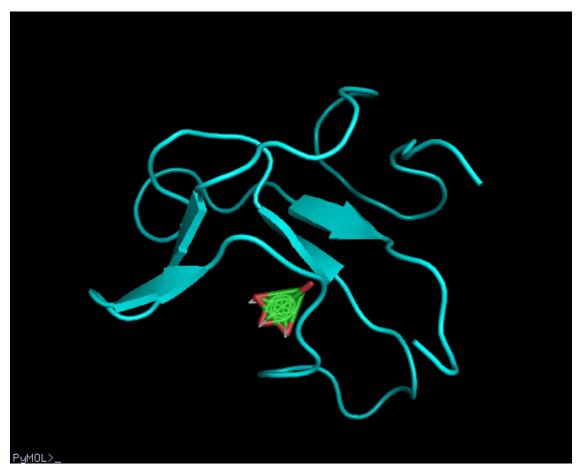


Figure 1: Test

Figure 2为图 report test 概览。

(对应文件为 ../2023_06_25_fix/figs/MCC_top10.pdf)

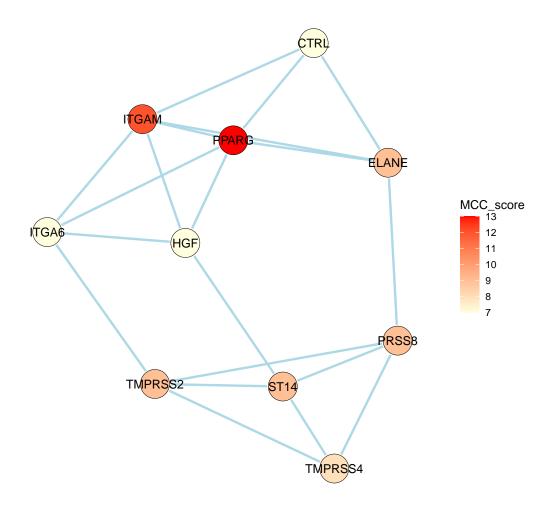


Figure 2: Report test

Figure 3为图 test figure out of line 概览。

(对应文件为 ../2023_06_30_eval/figs/5280343_into_5th6.png)

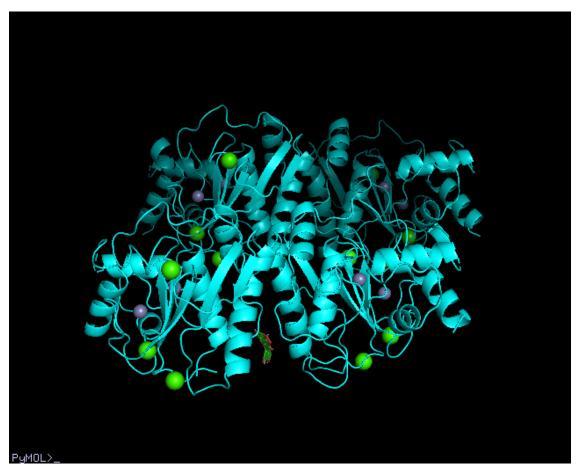


Figure 3: Test figure out of line

Figure 4为图 plot with ggplot2 概览。

(对应文件为 figs/plot-with-ggplot2.pdf)

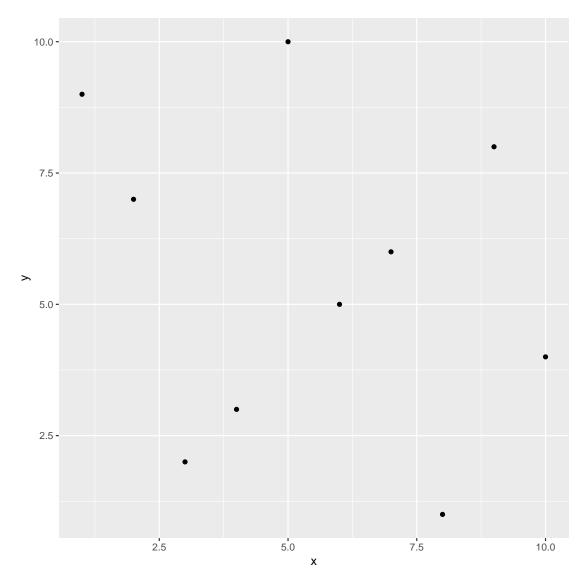


Figure 4: Plot with ggplot2

Table 1为表格 mtcars 概览。test

(对应文件为 tabs/mtcars.csv)

注: 表格共有 32 行 11 列,以下预览的表格可能省略部分数据; 表格含有 25 个唯一 'mpg'。 show time

Table 1: Mtcars

mpg	cyl	disp	hp	drat	wt	qsec	vs	am	gear	carb
21	6	160	110	3.9	2.62	16.46	0	1	4	4
21	6	160	110	3.9	2.875	17.02	0	1	4	4
22.8	4	108	93	3.85	2.32	18.61	1	1	4	1
21.4	6	258	110	3.08	3.215	19.44	1	0	3	1

mpg	cyl	disp	hp	drat	wt	qsec	vs	am	gear	carb
18.7	8	360	175	3.15	3.44	17.02	0	0	3	2
18.1	6	225	105	2.76	3.46	20.22	1	0	3	1
14.3	8	360	245	3.21	3.57	15.84	0	0	3	4
24.4	4	146.7	62	3.69	3.19	20	1	0	4	2
22.8	4	140.8	95	3.92	3.15	22.9	1	0	4	2
19.2	6	167.6	123	3.92	3.44	18.3	1	0	4	4
17.8	6	167.6	123	3.92	3.44	18.9	1	0	4	4
16.4	8	275.8	180	3.07	4.07	17.4	0	0	3	3
17.3	8	275.8	180	3.07	3.73	17.6	0	0	3	3
15.2	8	275.8	180	3.07	3.78	18	0	0	3	3
10.4	8	472	205	2.93	5.25	17.98	0	0	3	4

Warning: Removed 63 rows containing missing values (`geom_point()`).

Figure 5为图 heatdata 概览。

(对应文件为 figs/heatdata.pdf)

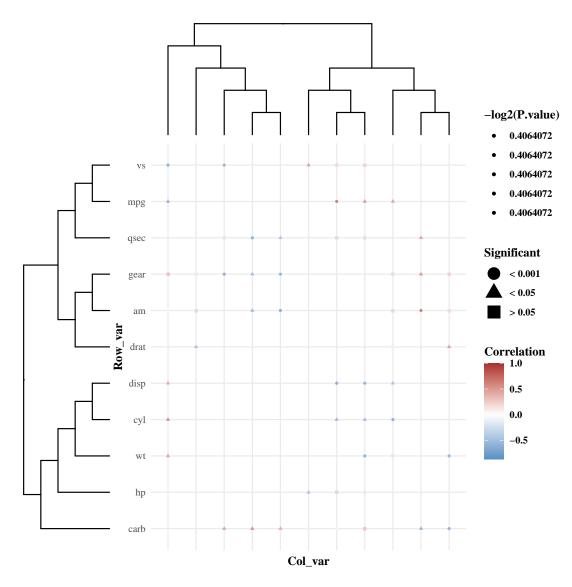


Figure 5: Heatdata

这是自己的文件'Custom function'数据已全部提供。

(对应文件为 ../../ahr_sig)

```
注:文件夹../../ahr_sig 共包含 6 个文件。
1. analysis_data.1.R
2. analysis_data.10.R
3. analysis_data.11.R
4. analysis_data.12.R
5. analysis_data.13.R
6. ...
```

'List of mtcars' 数据已全部提供。

(对应文件为 list-of-mtcars)

注:文件夹 list-of-mtcars 共包含 3 个文件。

- 1. 1_mtcars.csv
- $2. 2_{mtcars.csv}$
- 3. 3_iris.csv

'List of test ggplot' 数据已全部提供。

(对应文件为 list-of-test-ggplot)

注:文件夹 list-of-test-ggplot 共包含 1 个文件。

1. 1_point.pdf

Figure 6为图 grob 概览。

(对应文件为 figs/grob.pdf)

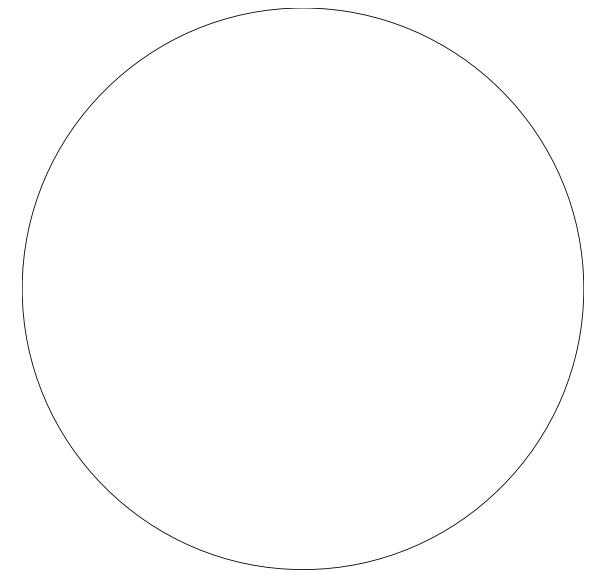


Figure 6: Grob

2 生信评估

关于转录组数据库筛选肌少症、癌症(结直肠癌)、化疗共同的通路,是否要串连三个要素(肌少症,结直肠癌,化疗)?

- 1. 使用公共数据库,可行:
 - 1. 筛选 GEO 至少两个数据集,一个肌少症,另一个结直肠癌症。后者最好包含化疗前后的两组数据。如果 GEO 数据库不存在结直肠癌化疗前后的合适数据,可能需要筛选三个数据集供处理。
 - 2. 消除批次效应(不同来源的数据的各种无关因素带来的影响)。
 - 3. 筛选共通基因,有两种方法:
 - 1. 一般法,多重比对,取交集。
 - 2. WGCNA¹ 法,对多个数据集进行一致性分析,寻找关键基因模块。
 - 3. 联合法,联合上述两种方法。

- 4. 根据基因筛选结果,通路富集分析。
- 2. 使用自备数据集,可行。可以更有针对性的设计实验分组,避免批次效应,分析结果更可靠;但针对性越强,成本越高。

工作量:视数据集的多少和分析复杂程度,需要 2-3 天。

Reference

1. Langfelder, P. & Horvath, S. WGCNA: An r package for weighted correlation network analysis. BMC Bioinformatics $\mathbf{9}$, (2008).