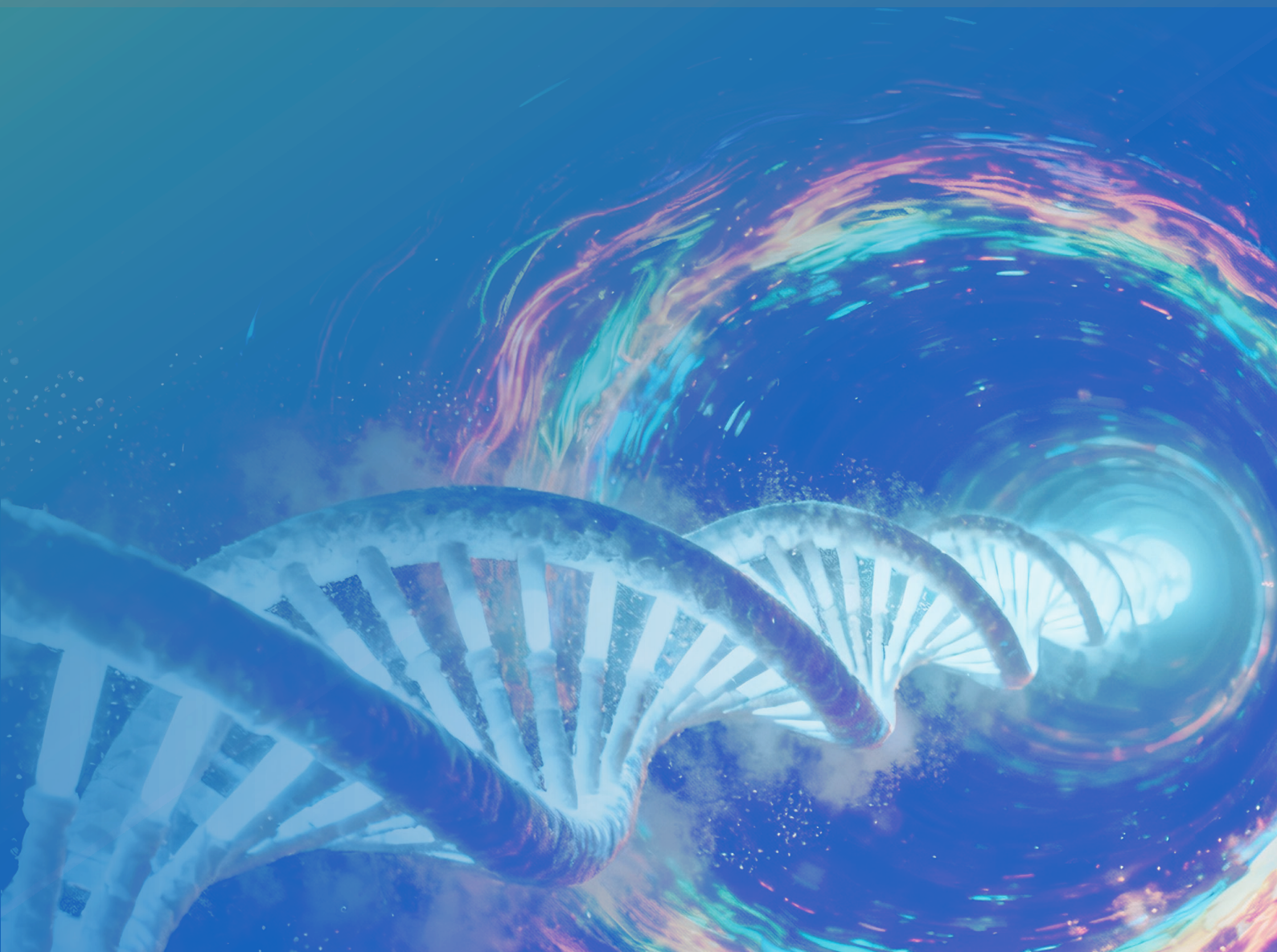


技术文档

时空组学高级分析内容详解



目录

CONTENTS

文档的目的与意义	01
高级分析内容	01
1. 空转高级分析流程	01
2. 分析条目详解	02
2.1 多样本数据整合、聚类及差异基因分析	02
2.1.1 分析条目解释	02
2.1.2 分析过程	02
2.1.3 分析价值	02
2.1.4 分析图例	02
2.1.4.1 样本整合聚类图	02
2.1.4.2 样本整合空间分布图	02
2.1.4.3 Marker 基因展示图	03
2.1.4.4 细胞类群占比图	03
2.1.5 应用场景	04
2.1.6 分析案例	04
2.1.6.1 案例一	04
2.1.6.2 案例二	04
2.2 功能富集分析	05
2.2.1 分析条目解释	05
2.2.2 分析过程	05
2.2.3 分析价值	05
2.2.4 分析图例	05
2.2.4.1 GO 富集分析列表	05
2.2.4.2 GO 富集分析柱状图	05
2.2.4.3 KEGG 富集分析表	06
2.2.4.4 KEGG 富集分析柱状图	06
2.2.5 应用场景	06
2.2.6 分析案例	07
2.2.6.1 案例一	07
2.2.6.2 案例二	07
2.3 细胞类型注释	08
2.3.1 分析条目解释	08
2.3.2 分析过程	08
2.3.3 分析价值	08
2.3.4 应用图例	08
2.3.4.1 细胞类型空间分布图	08
2.3.4.2 细胞类型比例图	08
2.3.5 应用场景	09
2.3.6 分析案例	09
2.3.6.1 案例一	09
2.3.6.2 案例二	09



2.4 细胞类型差异与富集分析	10
2.4.1 分析条目解释	10
2.4.2 分析过程	10
2.4.3 分析价值	10
2.4.4 分析图例	10
2.4.4.1 差异基因气泡图及空间分布图	10
2.4.4.2 功能富集分析柱状图	10
2.4.5 应用场景	11
2.4.6 分析案例	11
2.4.6.1 案例一	11
2.4.6.2 案例二	11
2.5 拟时序分析	12
2.5.1 分析条目解释	12
2.5.2 分析过程	12
2.5.3 分析价值	12
2.5.4 分析图例	12
2.5.4.1 伪时间关键基因列表	12
2.5.4.2 细胞轨迹关键基因散点图	13
2.5.4.3 关键基因表达趋势图	13
2.5.4.4 关键基因空间分布图	14
2.5.4.5 细胞分化轨迹图	15
2.5.5 应用场景	16
2.5.6 分析案例	17
2.5.6.1 案例一	17
2.5.6.2 案例二	17
2.6 细胞互作分析	18
2.6.1 分析条目解释	18
2.6.2 分析过程	18
2.6.3 分析价值	18
2.6.4 分析图例	18
2.6.4.1 细胞通讯网络图	18
2.6.4.2 组间细胞通讯比较图	18
2.6.4.3 细胞互作空间展示图	20
2.6.4.4 配体 - 受体贡献图	20
2.6.5 应用场景	20
2.6.6 分析案例	21
2.6.6.1 案例一	21
2.6.6.2 案例二	21
分析软件列表	22
参考文献	22

● 文档的目的与意义

空间转录组技术能够将细胞的转录组信息与组织内的空间坐标整合起来，为解析不同细胞类型之间的相互作用及整体组织架构提供了新见解。空间转录组技术的科研应用，不仅依赖高分辨率的实验技术，更取决于高效的生物信息学分析流程。空间转录组标准分析 + 高级分析通过创新算法框架与多模态数据整合，实现基因表达 - 空间位置 - 组织形态的三维信息深度解析，为生命科学研究提供从“分子特征”到“空间功能”的完整认知链条，推动对生命过程的深入探索。

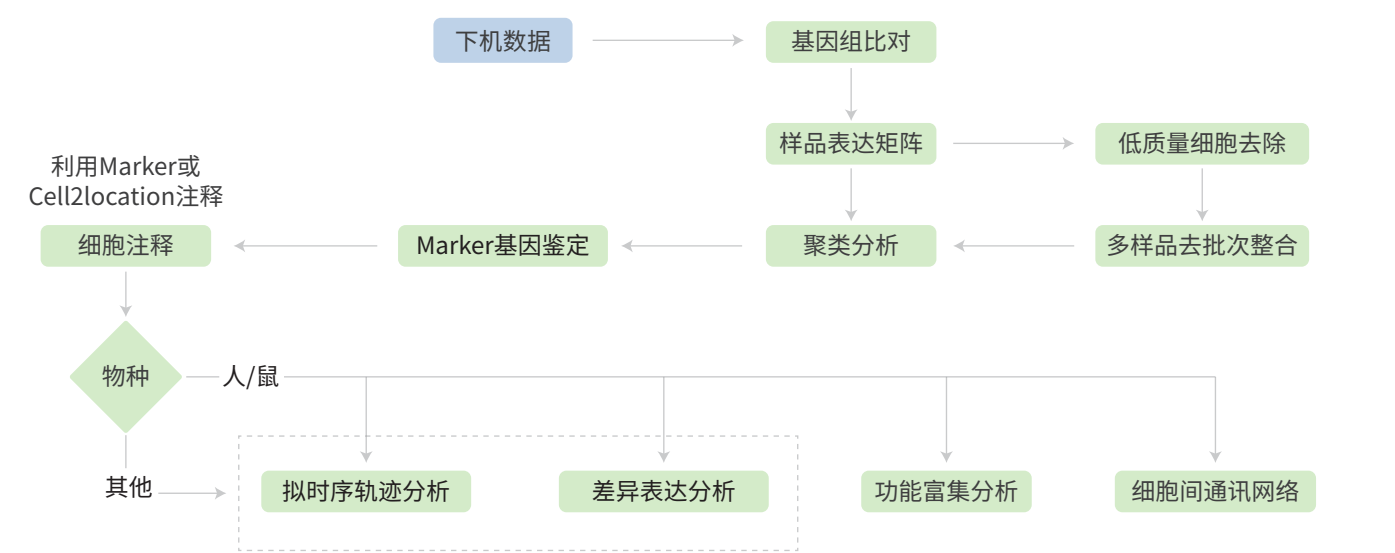
本文件将通过详细阐述每个分析模块的原理、方法和应用场景，系统性地介绍我们的各类高级分析能给您什么结果，这些结果能解决什么问题，从而启发您的前期实验设计和后期数据分析思路。

● 高级分析内容

智数空间转录组高级分析可用于高精度空间细胞图谱、细胞亚型、细胞异质性、细胞轨迹和细胞间通信等分析。具体分析条目如下：

分析条目	分析内容
多样本整合及聚类	过滤质控, 去批次效应, 多批次/多样本数据整合, UMAP聚类及空间分布展示
marker基因差异分析	分析每个cluster与其他cluster之间的特异表达基因及空间分布。
marker基因功能富集	每个cluster的特异表达基因的功能富集分析(GO、KEGG)
细胞类型注释和校正	根据客户提供的Cellmarker基因或单细胞数据进行细胞注释及空间分布展示
组间差异分析(全区域)	根据分组和比较方案, 分析每种特定细胞类型两组样本间的差异表达基因
组间差异基因功能富集	基于细胞类型的组间差异基因的GO、KEGG、GSEA等功能富集分析
轨迹分析	基于指定细胞类型和分组进行细胞轨迹分析, 指定细胞类型, 分组进行分析
细胞互作分析	细胞互作分析, 可基于样本分组, 比较组间的细胞互作强度, 指定细胞类型, 分组进行分析

1. 空转高级分析流程



2. 分析条目详解

2.1 多样本数据整合、聚类及差异基因分析

2.1.1 分析条目解释

对组内或者多批次样本空转数据进行整合分析,用软件消除批次效应,并进行细胞聚类和差异表达分析。

2.1.2 分析过程

对基因表达矩阵进行预处理,识别并筛选出高变基因,这些基因在不同细胞间表现出显著的表达差异,有助于区分细胞类型。通过主成分分析 (PCA) 对数据进行降维,提取出数据的主要变异特征。在进行下游分析之前,进行批次校正 (Harmony或BBKNN),以消除不同批次样本间的非生物学差异。批次校正后,构建细胞的K近邻 (KNN) 图,在此基础上,采用graph-based聚类算法,默认使用Leiden算法对细胞进行分组和模块优化,从而识别出不同的细胞亚群。最后,利用UMAP降维算法,将高维数据映射到二维空间,直观地展示细胞群体的分布情况和聚类结果。

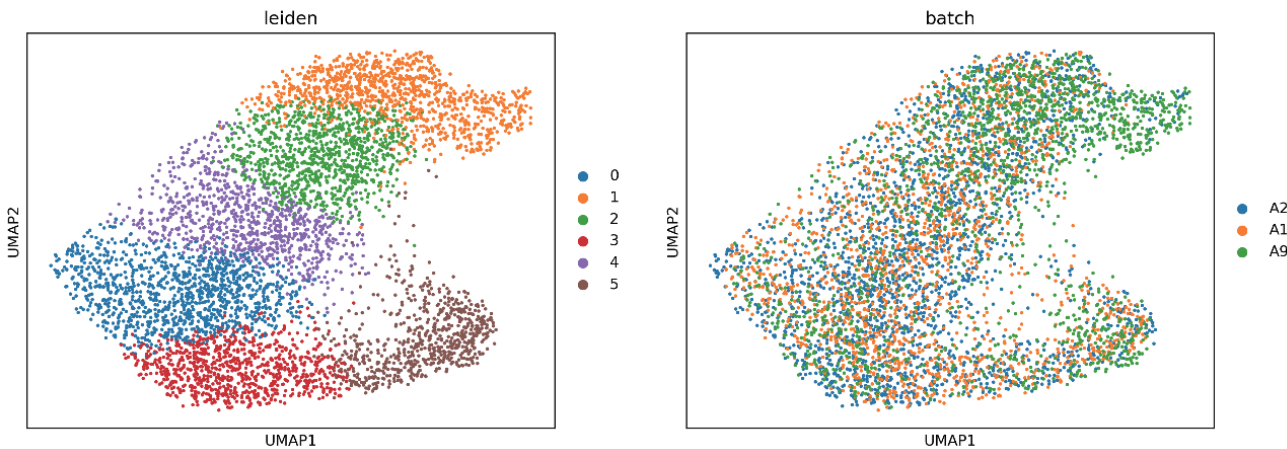
使用wilcox方法,将聚类的一个亚群与所有其他亚群进行比较,得到该亚群与其他亚群之间的差异基因列表。基于差异基因,我们筛选在该亚群中表达高于其他亚群的基因作为候选marker基因,即logFC大于0。

2.1.3 分析价值

该分析是多样本组内/间差异分析的基础,通过UMAP图和空间分布图,可直观可视化样本间、组内/间差异。

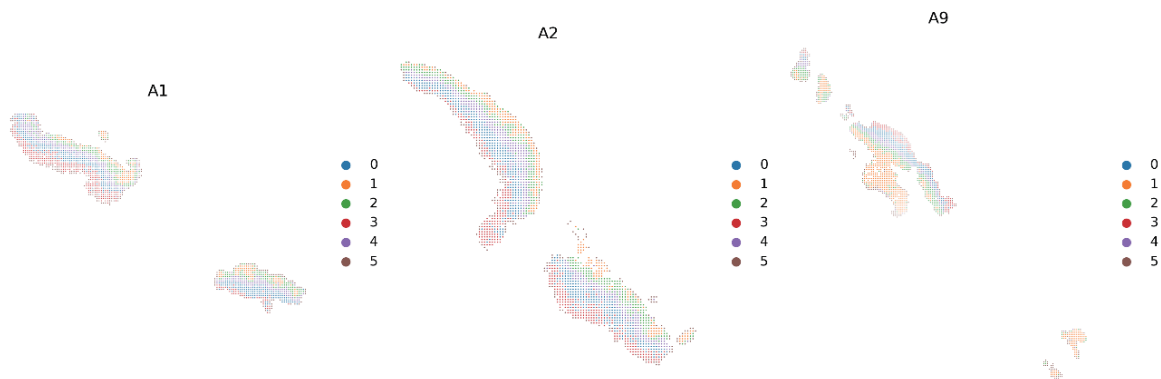
2.1.4 分析图例

2.1.4.1 样本整合聚类图



展示多样本数据整合聚类 UMAP 图 (合并、分开样本可视化)

2.1.4.2 样本整合空间分布图

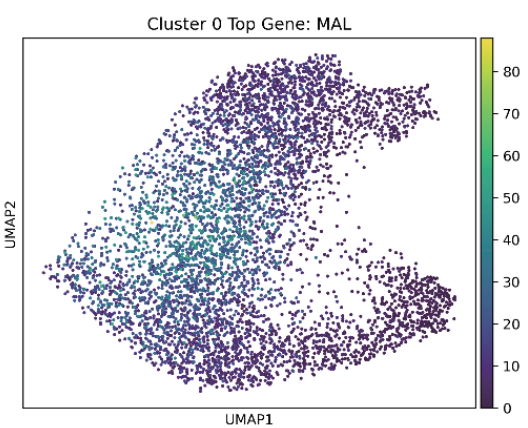


展示最终聚类的细胞类群 (cluster) 在各样本空间上的分布

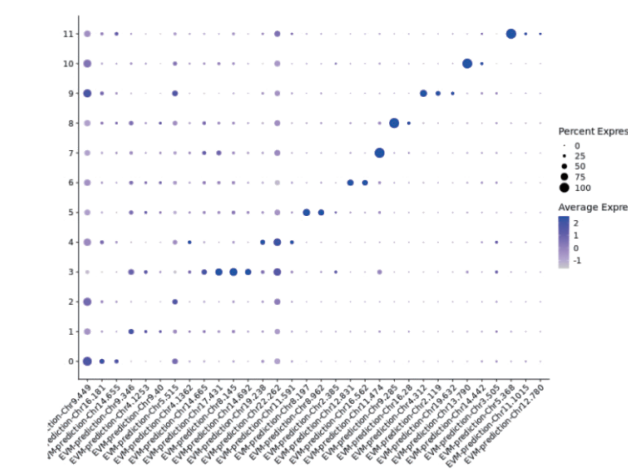
2.1.4.3 Marker基因展示图



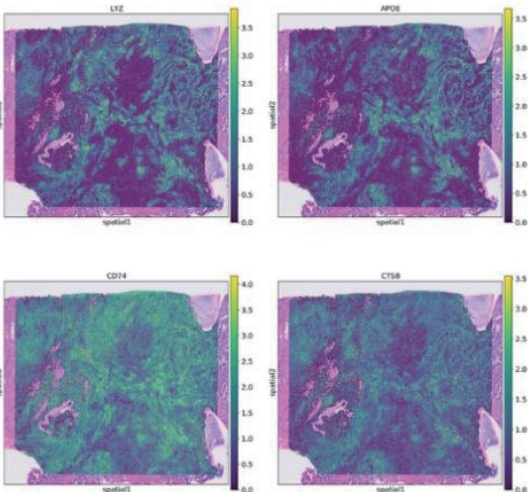
Top5 基因热图



各 cluster top1 marker 基因 UMAP 表达分布图

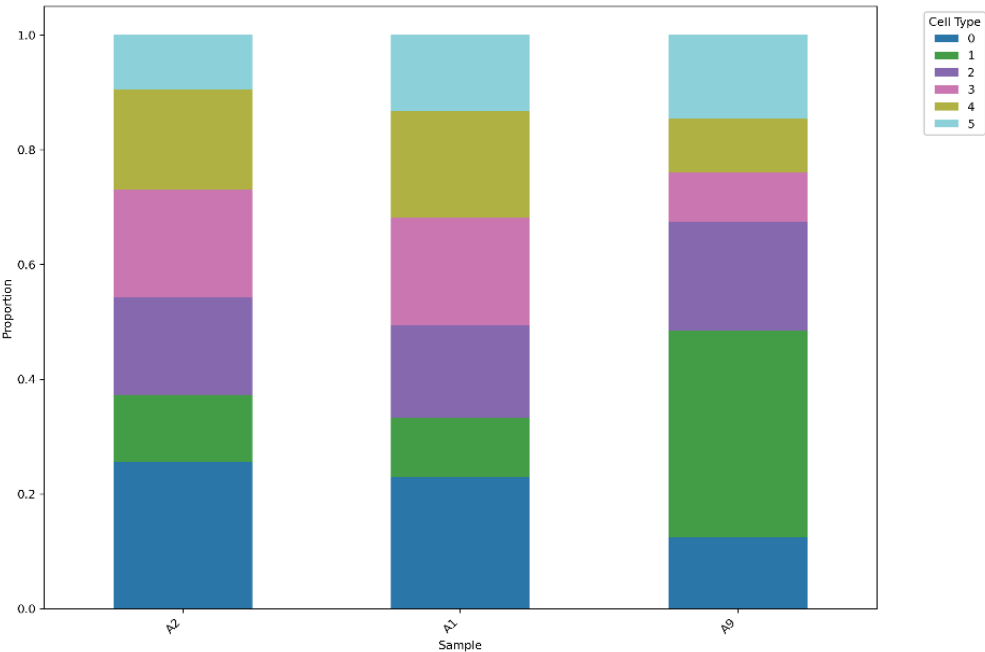


Top5 基因气泡图



各 cluster Top1 基因空间表达分布图

2.1.4.4 细胞类群占比图



进行细胞聚类后,使用堆积柱状图展示了不同样本中细胞类群的比例

2.1.5 应用场景

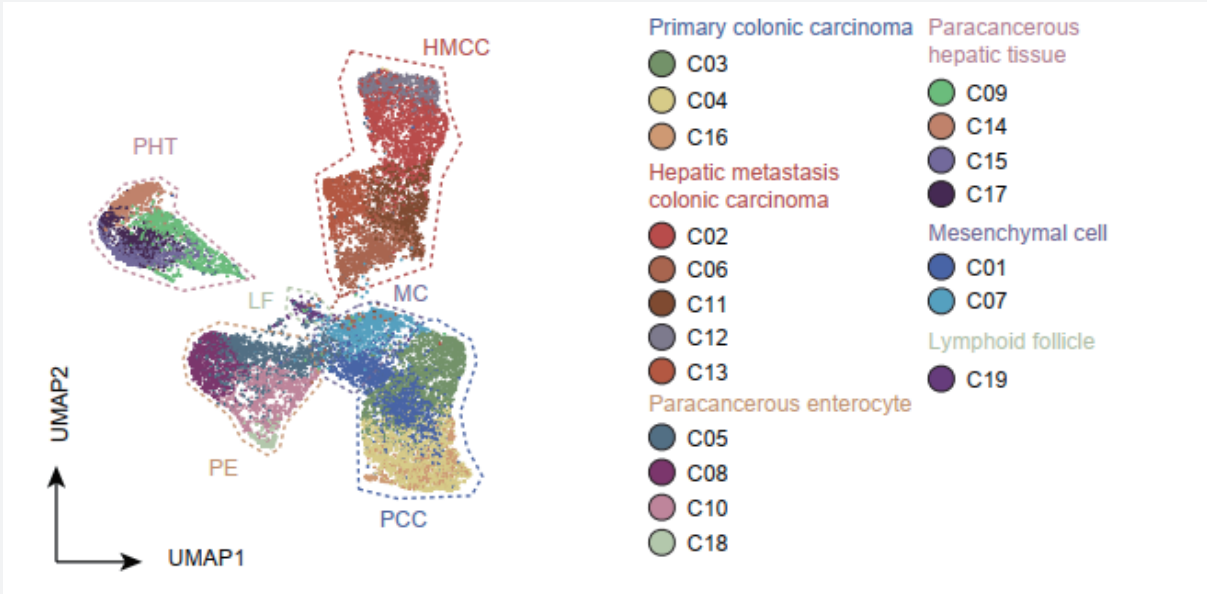
- 1) 揭示疾病特异性或处理特异性的关键分子标志物。
- 2) 为下游的富集分析提供基因列表,从而解释表型差异背后的生物学通路。
- 3) 筛选潜在的药物靶点或诊断标志物。

2.1.6 分析案例

2.1.6.1 案例一

01
案例

在结肠癌肝转移的研究中,通过把原发灶和转移灶癌组织空转数据整合、聚类和差异基因分析,得到跟早期癌转移相关的细胞类群(癌干细胞)和标记基因(Biomarker)。

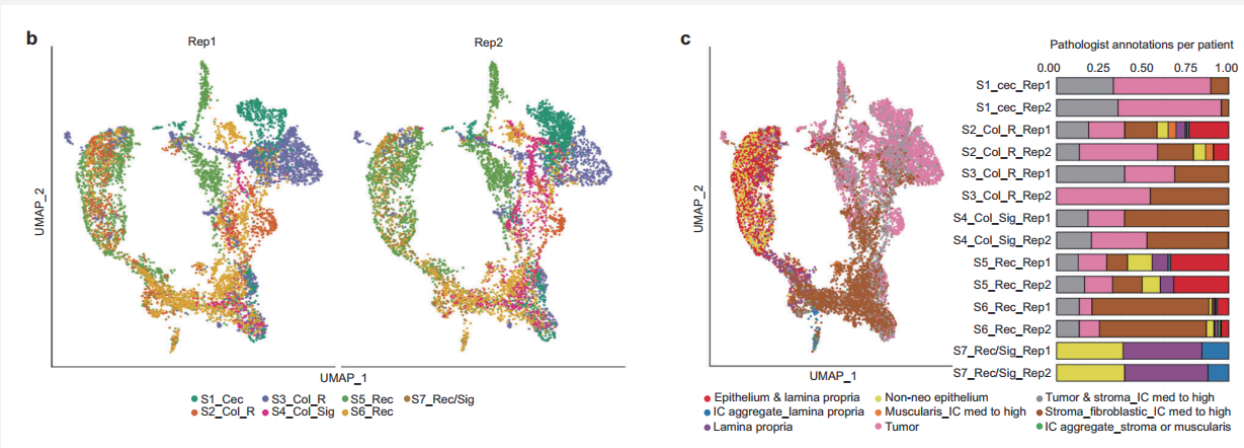


Zhou L , Wen R ,et al.Spatial transcriptomic revealed intratumor heterogeneity and cancer stem cell enrichment in colorectal cancer metastasis[J].Cancer Letters, 2024, 602(000):11.

2.1.6.2 案例二

02
案例

在结肠癌不同分子亚型异质性的研究中,将不同分子亚型癌组织样本数据整合,得到了RNA表达和细胞类群聚类的全景图谱,最终鉴定得到了各亚型特有的标记基因,可作为潜在的治疗靶点。



Valdeolivas, Alberto, et al. Profiling the heterogeneity of colorectal cancer consensus molecular subtypes using spatial transcriptomics. NPJ precision oncology. 8.1(2024).

2.2 功能富集分析

2.2.1 分析条目解释

对差异分析得到的一组基因 (如上调的DEGs) 进行功能解读, 检验这些基因是否在特定的生物学通路、细胞组分或分子功能中显著富集。常用数据库包括GO和KEGG。

2.2.2 分析过程

使用工具 (clusterProfiler) 将输入的基因列表与GO、KEGG等数据库进行超几何检验, 得到显著富集的条目, 并通过柱状图、气泡图或网络图进行可视化。

2.2.3 分析价值

单个基因的功能是有限的, 而生物学过程通常由多个基因协同完成。富集分析将一长串看似无关的基因列表, 归纳总结为有明确生物学意义的功能模块或通路, 从而对观察到的表型变化给出机制性的解释。

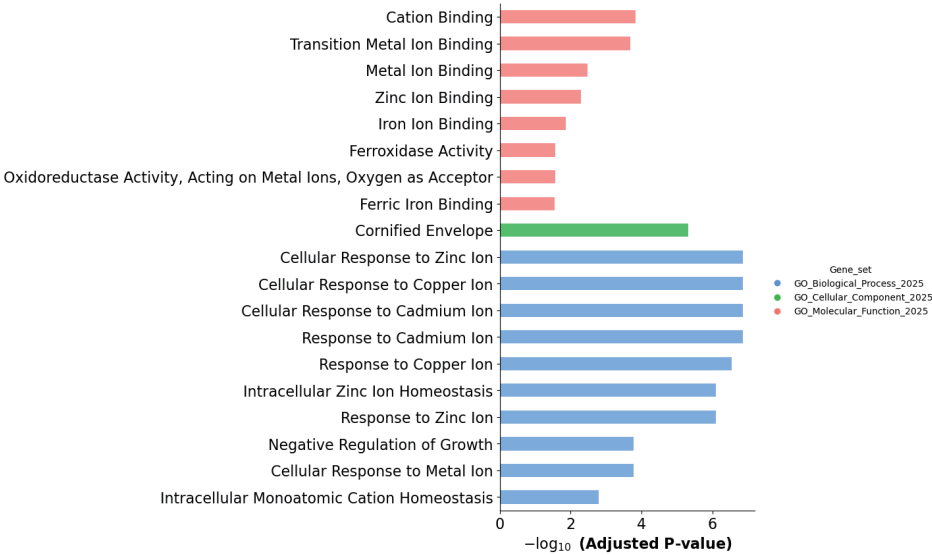
2.2.4 分析图例

2.2.4.1 GO富集分析列表

cluster	type	Gene_set	Term	Overlap	P-value	Adjusted P-value
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Response to Cadm...	4/16	2.8734958434207...	1.4173841592695
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Cellular Response ...	4/17	3.7546600245551...	1.4173841592695
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Cellular Response ...	4/17	3.7546600245551...	1.4173841592695
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Cellular Response ...	4/17	3.7546600245551...	1.4173841592695
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Response to Copp...	4/21	9.41183380950583...	2.8423738104707
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Response to Zinc I...	4/28	3.2019099092043...	8.0057004532855
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Intracellular Zinc Io...	4/29	3.71125186576149...	8.0057004532855
Cluster3	up	GO_Biological_Pro...	Cellular Response ...	4/112	9.0813461636093...	0.00016919219179

展示各 cluster 差异表达基因的 GO 分析参数值

2.2.4.2 GO富集分析柱状图



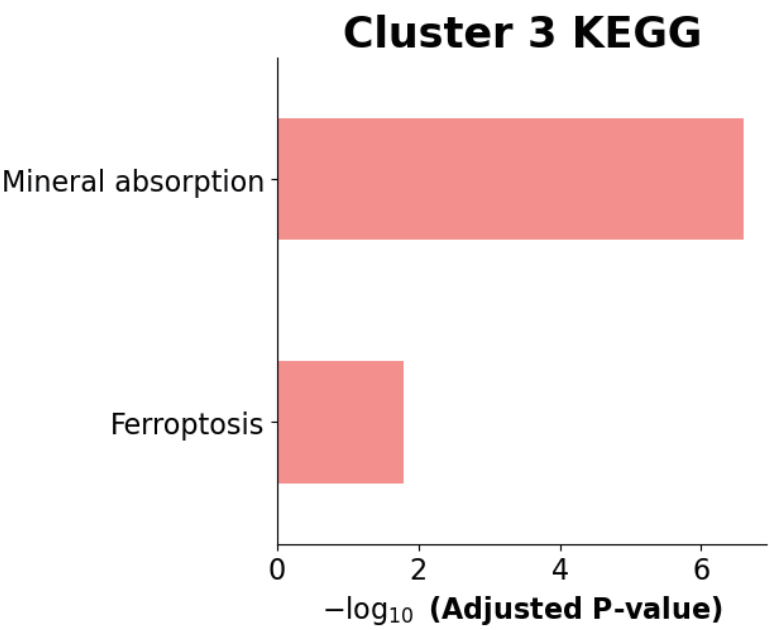
柱状图 y 轴代表富集的 GO 通路, 包含 BP (Biological Process): 生物过程、CC (Cellular Component): 细胞组分、MF (Molecular Function): 分子功能; x 轴表示 -log(校正后的 p 值)。柱状图长度代表 p 值的显著性, 越长代表越显著。

2.2.4.3 KEGG富集分析表

cluster	type	Gene_set	Term	Overlap	P-value	Adjusted P-value
Cluster4	up	KEGG_2021_Human	Pathogenic Escher...	25/197	1.2074355887082...	2.08789256563618
Cluster4	up	KEGG_2021_Human	Tight junction	23/169	1.63116606690326...	2.08789256563618
Cluster4	up	KEGG_2021_Human	Salmonella infection	27/249	7.9670108933638...	6.7985159623371
Cluster4	up	KEGG_2021_Human	Adherens junction	14/71	4.93448115975001...	3.1580679422400
Cluster4	up	KEGG_2021_Human	Bacterial invasion ...	13/77	1.2194752993490...	6.2437135326669

展示各 cluster 差异表达基因的 KEGG 分析参数值

2.2.4.4 KEGG富集分析柱状图



柱状图 y 轴是富集到的 KEGG 通路的名称,x 轴表示 $-\log(\text{校正后的 p 值})$,柱状图长度代表 p 值的显著性,越长代表越显著。

2.2.5 应用场景

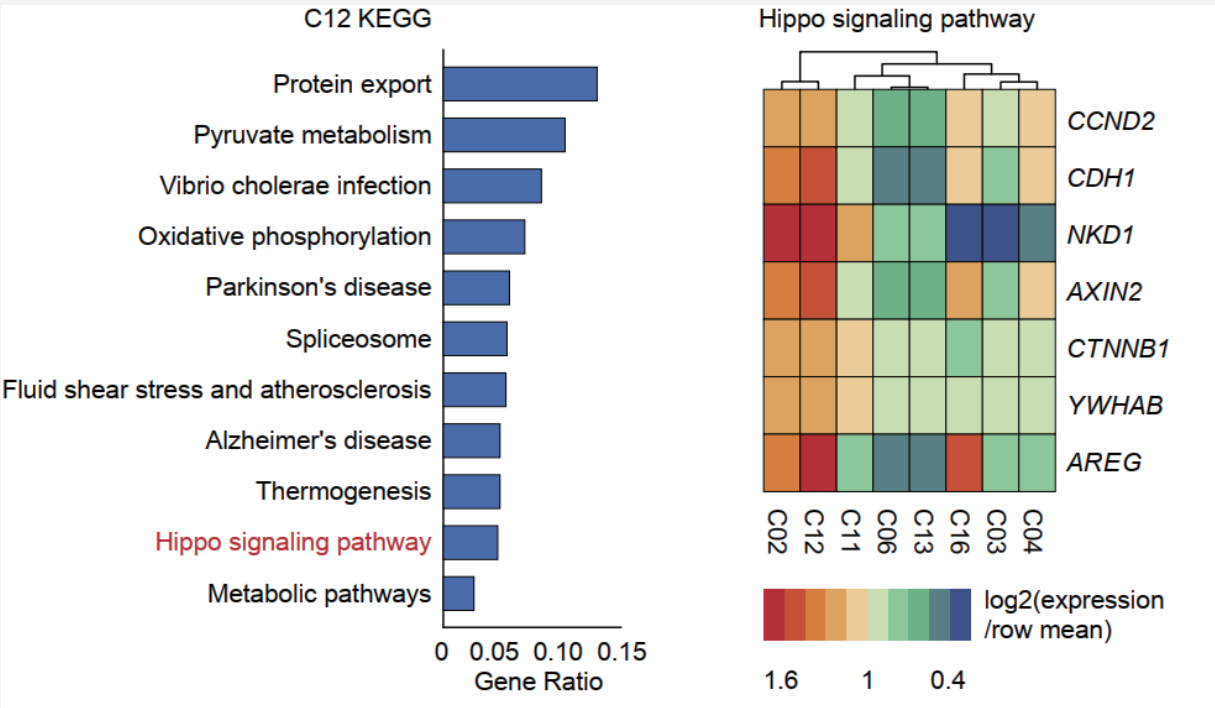
- 1) 将差异基因与疾病表型相关联;
- 2) 通过组间差异基因富集, 发掘潜在的发病机制&治疗靶点;
- 3) 验证创新性假说。

2.2.6 分析案例

2.2.6.1 案例一

01
案例

在结直肠癌肝转移文献中,研究人员通过对组间差异基因进行KEGG富集分析,得到了在转移灶特定癌细胞类群显著上调的Hippo信号通路,提示了潜在的治疗靶点。

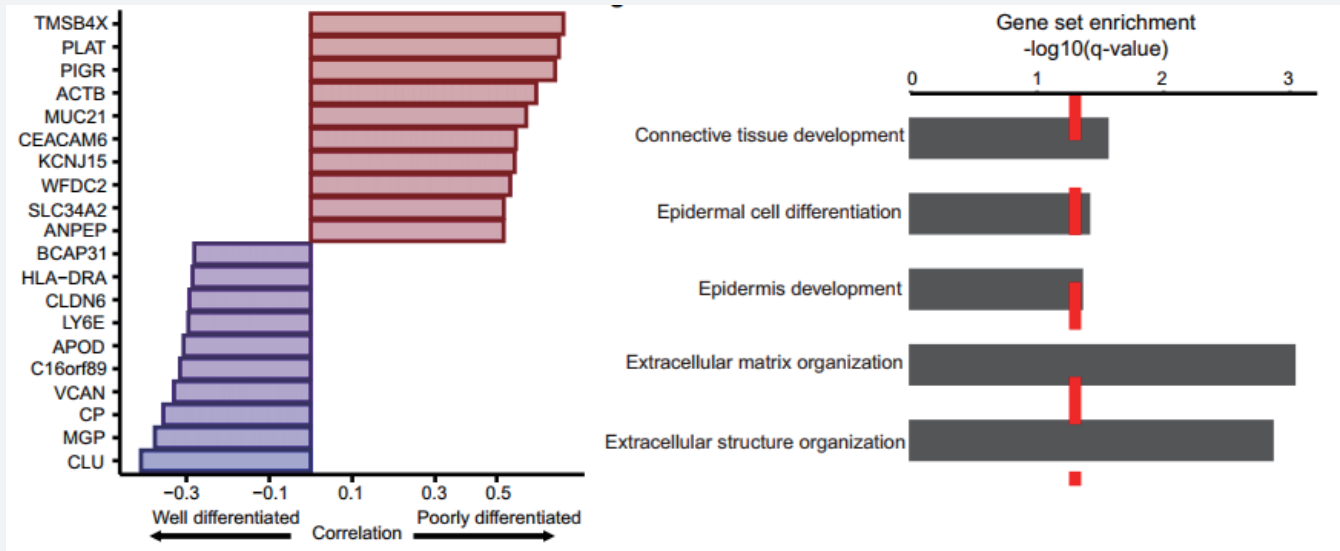


Zhou L , Wen R , Bai C ,et al. Spatial transcriptomic revealed intratumor heterogeneity and cancer stem cell enrichment in colorectal cancer metastasis[J]. Cancer Letters, 2024, 602(000):11.

2.2.6.2 案例二

02
案例

在肺腺癌空间区域异质性研究中,通过对不同组织亚型样本/区域进行差异和富集分析,得到与癌组织亚型分化程度相关的marker基因。



Wang Y , Liu B , et al. Spatial transcriptomics delineates molecular features and cellular plasticity in lung adenocarcinoma progression. cell discovery 9.1(2023).

2.3 细胞类型注释

2.3.1 分析条目解释

通过聚类分析将细胞分成不同类群(cluster)后,利用已知的/客户提供的Cell Marker基因或者单细胞数据,为每一个细胞“赋予身份”的过程。这包括自动注释和至关重要的人工校对,以确保注释结果的准确性。

2.3.2 分析过程

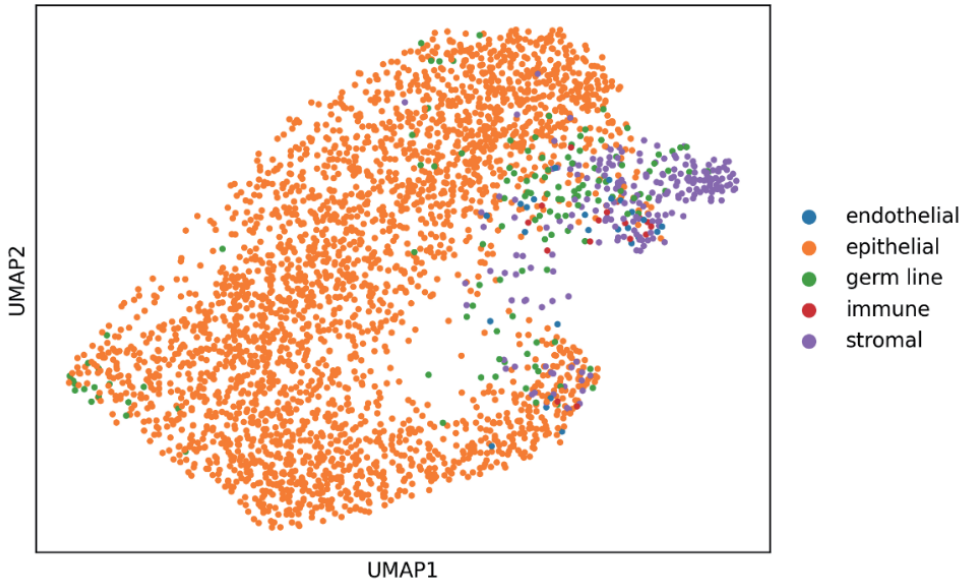
使用cell2location软件进行细胞类型注释,通过整合单细胞参考数据,实现对空间转录组数据中细胞类型的精确定位和定量。

2.3.3 分析价值

准确的细胞类型鉴定是所有下游分析的基础。自动化注释工具虽有参考价值,但其准确性受限于参考数据库的质量和物种组织特异性。人工校正结合了分析员的专业知识和公开的文献资源,是保证注释结果准确的关键步骤,能有效区分出罕见的、过渡态的或组织特异性的细胞类型。此外,通过单细胞—空转联合分析,可以提高空间细胞注释的精度。

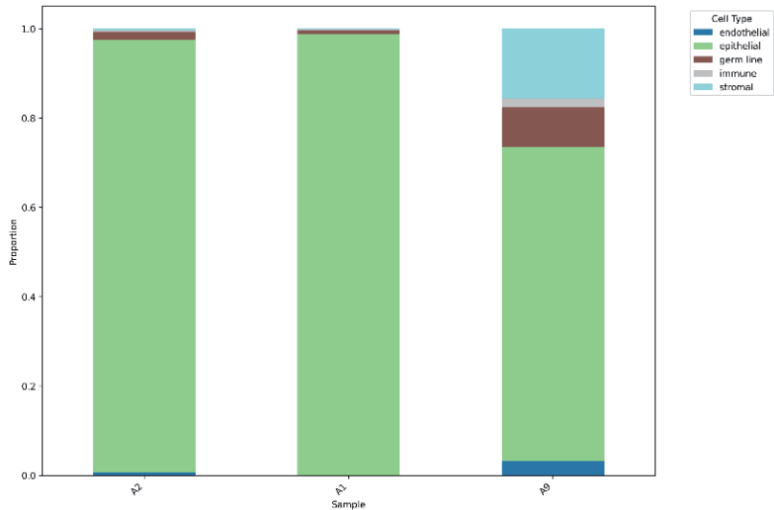
2.3.4 应用图例

2.3.4.1 细胞类型空间分布图



展示了预测的细胞类型在组织切片上的空间位置分布

2.3.4.2 细胞类型比例图



展示了不同样本或分组中各细胞类型的构成比例

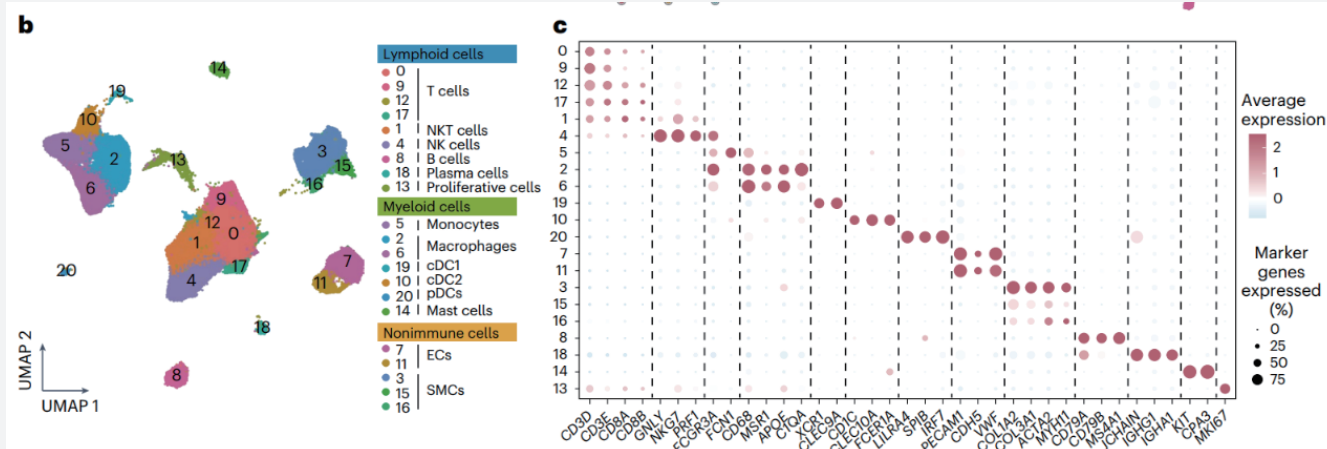
2.3.5 应用场景

- 1) 精确描绘样本的空间细胞组成图谱, 为后续深层次生信挖掘打好基础;
- 2) 发现有治疗/诊断价值的细胞亚型;
- 3) 为后续的差异分析、细胞互作等分析提供准确的比较基础。

2.3.6 分析案例

2.3.6.1 案例一

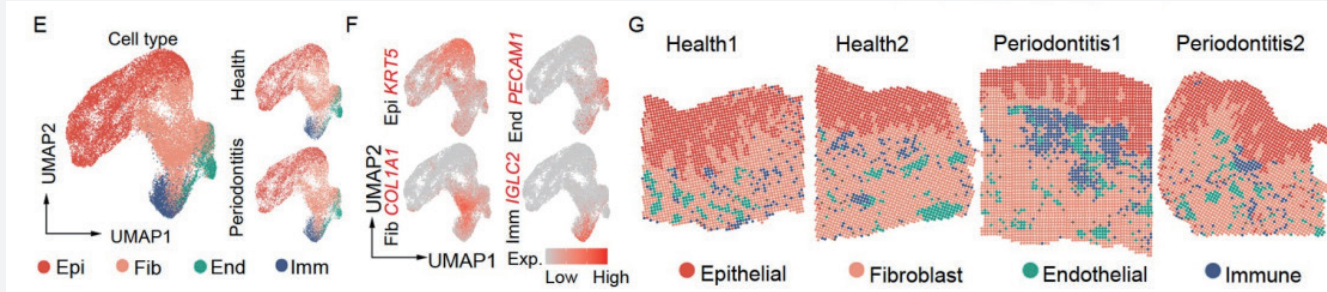
在人颈部动脉硬化致病机制研究中,通过空转+单细胞联合分析,首次得到硬化斑块高精度的细胞注释图谱,为后续三级淋巴结构的研究奠定了基础。



Lai Z, Kong D, et al. Single-cell spatial transcriptomics of tertiary lymphoid organ-like structures in human atherosclerotic plaques. *Nat Cardiovasc Res*. 2025 May;4(5):547-566.

2.3.6.2 案例二

在牙周炎的研究中,通过对空间转录组数据进行细胞注释,发现了牙周炎患者和健康人差异的上皮细胞亚群,进一步差异基因分析得到潜在的风险基因。



Shen Z, Zhang R, et al. The spatial transcriptomic landscape of human gingiva in health and periodontitis. *Sci China Life Sci.* 2024 Apr;67(4):720-732.

2.4 细胞类型差异与富集分析

2.4.1 分析条目解释

对不同样本/组别中的特定细胞类型进行差异表达分析和功能富集分析 (包括GO, KEGG, GSEA), 可以得到特定细胞类型的差异基因和差异信号通路。

2.4.2 分析过程

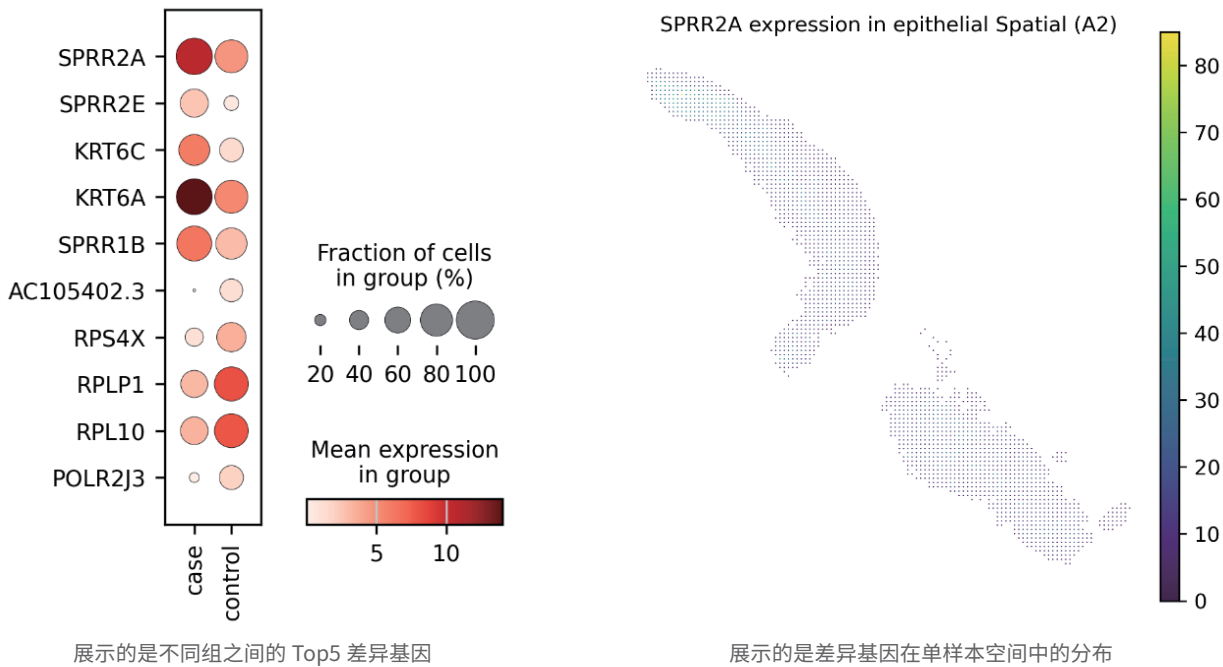
选定实验/对照组样本, 对每种细胞类型进行2组间比较。

2.4.3 分析价值

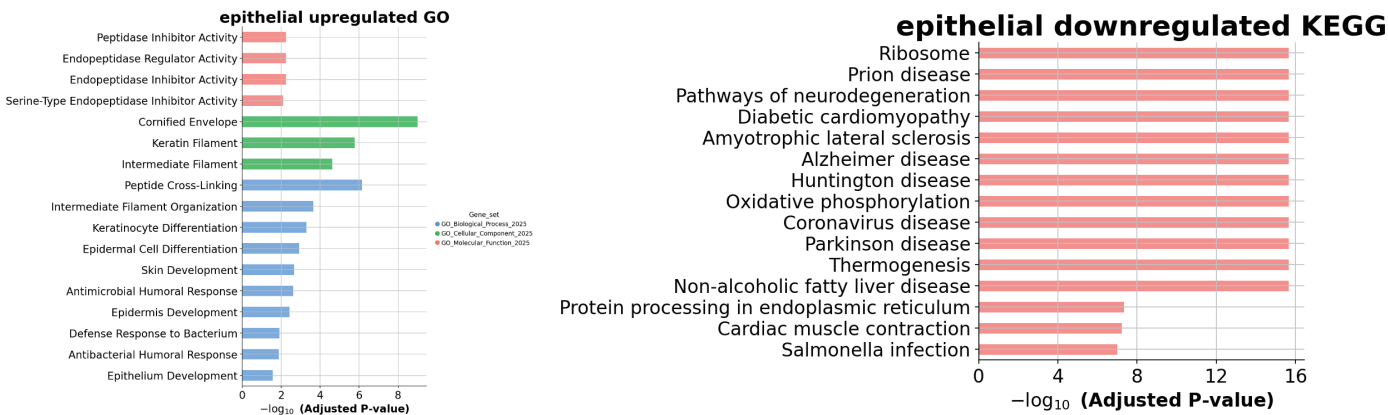
对重要的及组间明显差异组成的细胞类型进行深层次的数据挖掘。

2.4.4 分析图例

2.4.4.1 差异基因气泡图及空间分布图



2.4.4.2 功能富集分析柱状图



2.4.5 应用场景

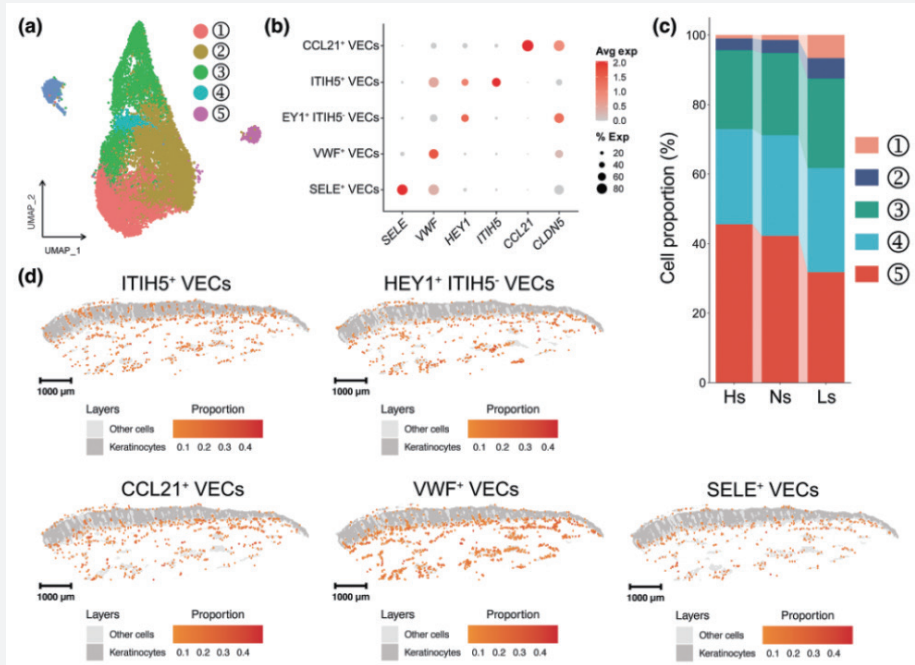
- 1) 探索特定细胞亚型在肿瘤/疾病进展中的作用；
- 2) 同种细胞类型在不同状态/处理样本中的功能差异；
- 3) 筛选疾病潜在的治疗靶点。

2.4.6 分析案例

2.4.6.1 案例一

01
案例

在银屑病致病机制的研究中，通过比较不同样本间血管内皮细胞 (VECs) 基因表达的差异，发现了跟疾病进展强相关的细胞亚群。

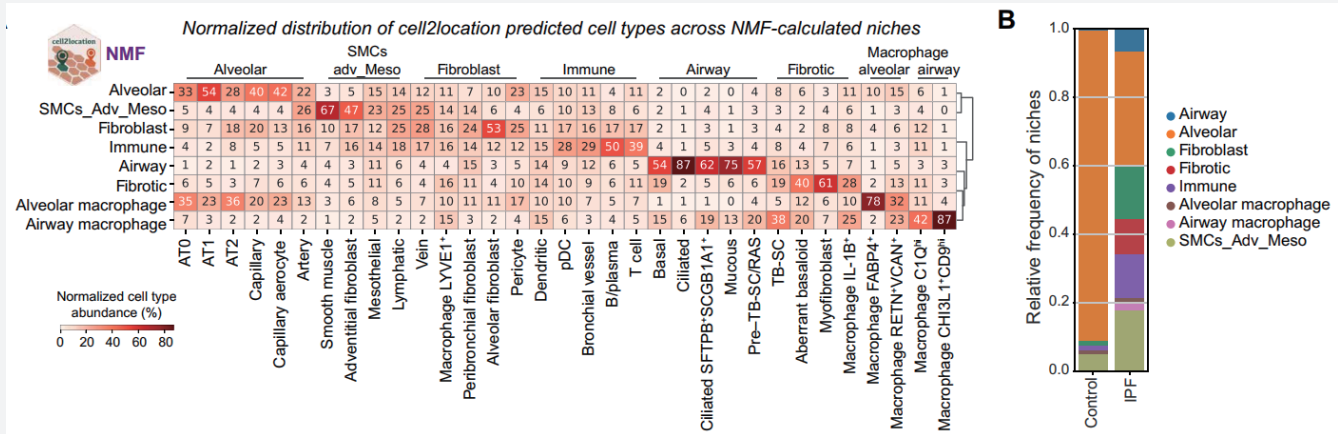


Zhang B, Mei J, et al. Multitranscriptome analysis reveals stromal cells in the papillary dermis to promote angiogenesis in psoriasis vulgaris. Br J Dermatol. 2025 Mar 18;192(4):672-683.

2.4.6.2 案例二

02
案例

在特发性肺纤维化疾病的空间转录组研究中，通过单细胞+空间转录组的高精度细胞注释，得到疾病/健康样本的特异性细胞组成差异。



Mayr CH, Santacruz D, et al. Spatial transcriptomic characterization of pathologic niches in IPF. Sci Adv. 2024 Aug 9;10(32): ead15473.

2.5 拟时序分析

2.5.1 分析条目解释

拟时序分析,是一种基于基因表达谱的相似性,对细胞进行排序,以重建细胞随时间的动态过程(如分化、激活、代谢状态转变)的计算方法。它并非真实时间,而是“伪时间”。

2.5.2 分析过程

拟时序分析采用Monocle算法,首先通过设定表达细胞数(min_cell>=10)、平均表达量(avg_exp>=0.1)和显著性阈值(q_val<=0.01)筛选出在细胞群间差异表达的关键基因,并从中选取最显著的top2000基因构成排序基因集,以此为基础构建细胞发育轨迹。

该过程成功还原了细胞状态转换的连续动态过程,揭示了驱动细胞分化或激活的核心基因及其表达变化规律,为了解生命过程的时序性调控机制提供了关键见解。

2.5.3 分析价值

实验上很难连续捕获同一个细胞在不同时间点的状态。拟时序分析利用细胞群体的“瞬时”数据,反推其连续的动态变化过程,从而揭示细胞命运的决策节点和驱动基因。

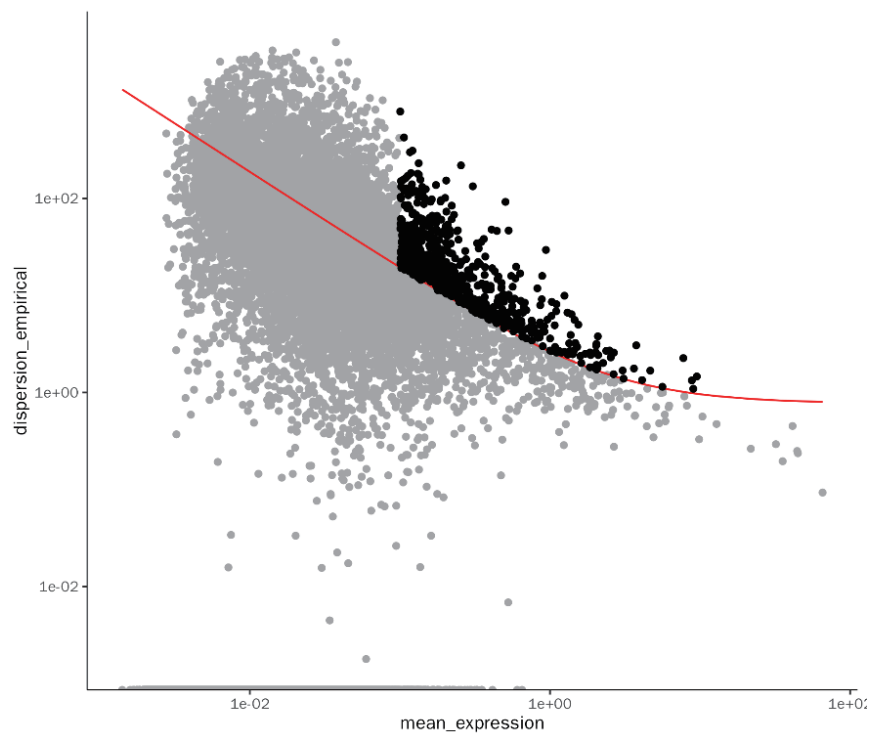
2.5.4 分析图例

2.5.4.1 伪时间关键基因列表

	status	family	pval	qval	gene_short_name
ADIRF	OK	negbinomial.size	0	0	ADIRF
AL136982.6	OK	negbinomial.size	0	0	AL136982.6
CRCT1	OK	negbinomial.size	0	0	CRCT1
ECM1	OK	negbinomial.size	0	0	ECM1
EMP1	OK	negbinomial.size	0	0	EMP1
ERO1A	OK	negbinomial.size	0	0	ERO1A
FAM25A	OK	negbinomial.size	0	0	FAM25A
FAM25BP	OK	negbinomial.size	0	0	FAM25BP

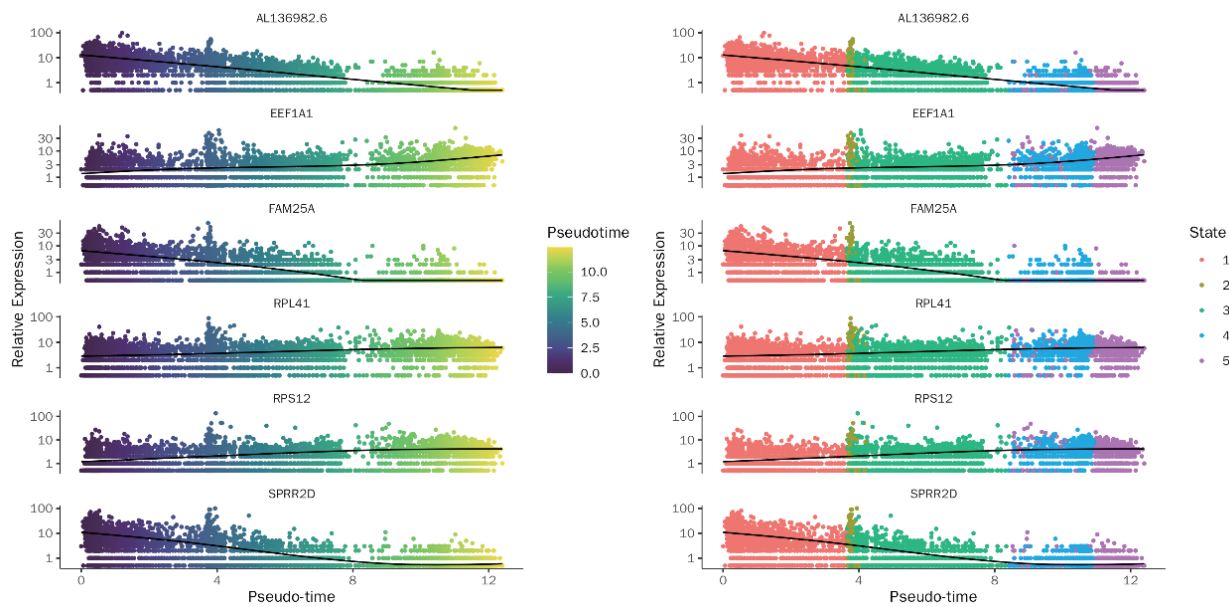
拟时轨迹推断关键基因列表表头:(A) gene_short_name: 基因名称; (B)family: 分析使用的参数; (C) pval: P 值,衡量基因表达量与拟时序的相关性是否显著; (D) qval: Q 值,是 P 值经过多重检验校正后的结果; (E) status: 基因在时序分析中的状态分类,标识基因是否适合进行时序分析; (F) num_cells_expressed: 表达该基因的细胞数量; (G) use_for_ordering: 是否将该基因用于细胞排序。

2.5.4.2 细胞轨迹关键基因散点图

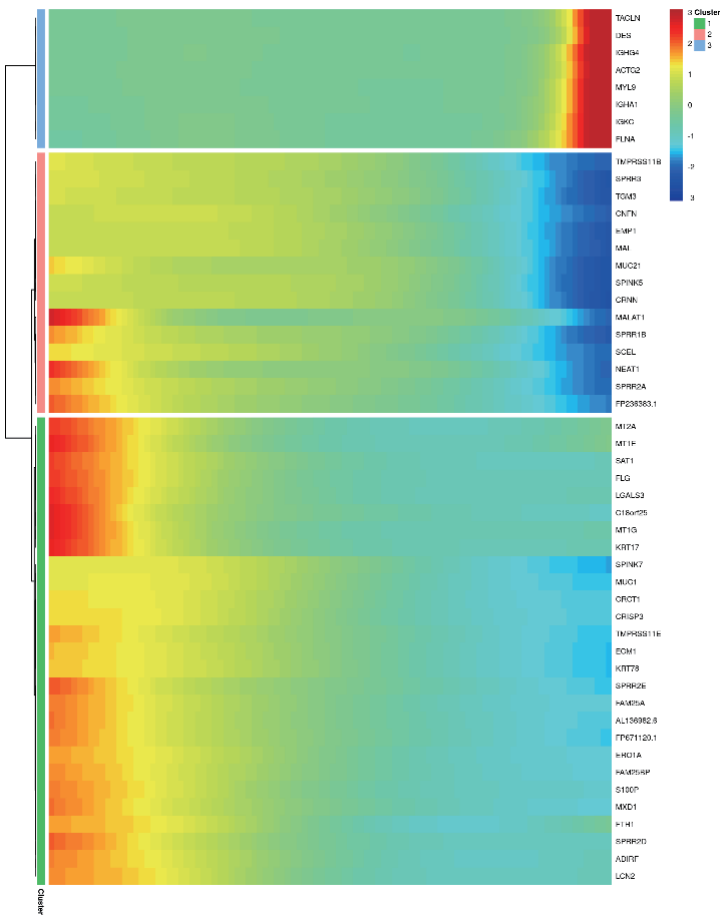


展示了用于构建轨迹的高变基因，黑色点表示被识别为高变基因的基因，这些基因在细胞间表现出显著的表达变异，是构建细胞分化轨迹的关键基因。红色线代表技术噪声的预期水平，位于红线之上的基因被认为具有生物学意义的变异性。

2.5.4.3 关键基因表达趋势图

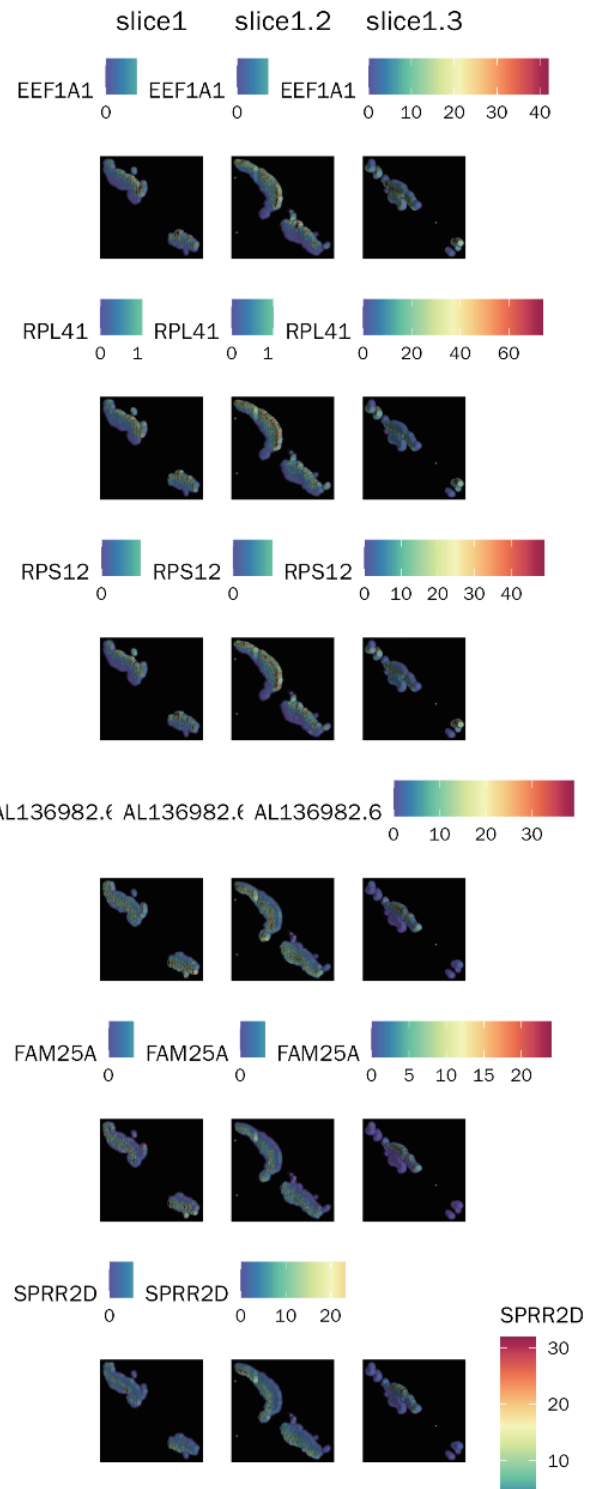


展示了 Top 基因随拟时间变化的表达趋势。其中 x 轴是细胞从一个状态到另一个状态的连续时间进程，通常反映细胞的分化或发育轨迹，y 轴是基因在细胞中的表达水平。图中的每个点代表一个单细胞，黑色曲线表示基因在拟时序上的平滑表达趋势，反映了该基因在细胞群体中随时间变化的平均表达模式。



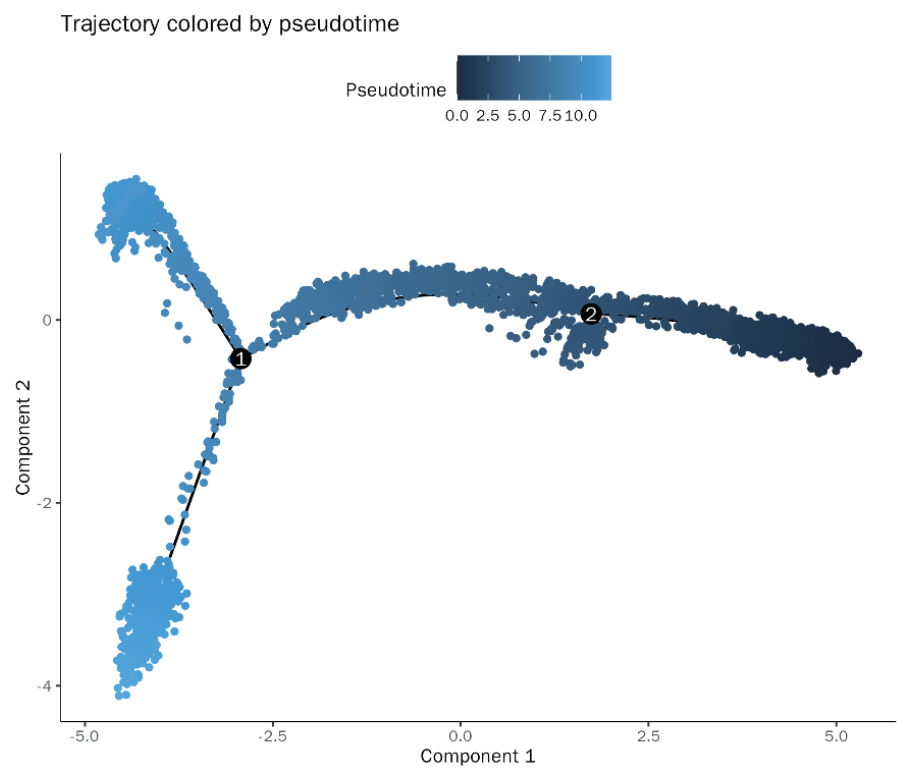
展示了关键基因随拟时间变化的表达趋势热图。其中 x 轴是拟时序推断的细胞分化或发育轨迹，细胞从左到右依次排列，反映从早期到晚期的连续状态转变；y 轴是在拟时序轨迹中表现出显著动态表达变化的基因；热图颜色代表基因的相对表达水平，红色 / 黄色表示高表达，蓝色 / 青色表示低表达；左侧的彩色条将基因按表达模式相似性分组，形成不同的共表达模块。

2.5.4.4 关键基因空间分布图

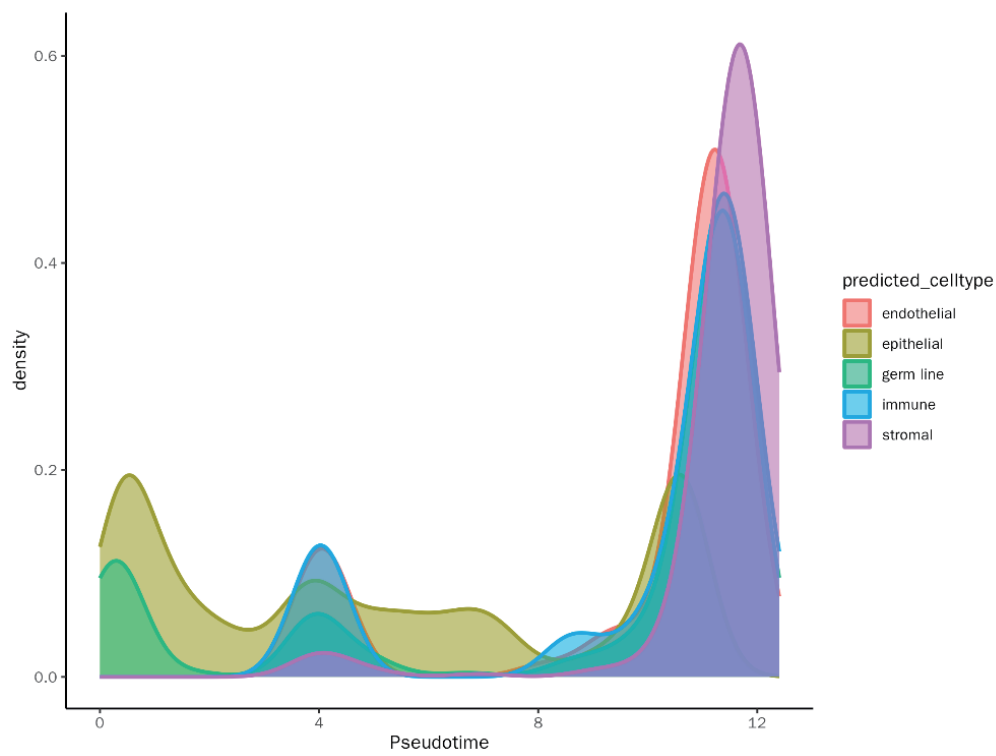


展示了与伪时间显著相关的 Top 基因在空间维度上的表达分布

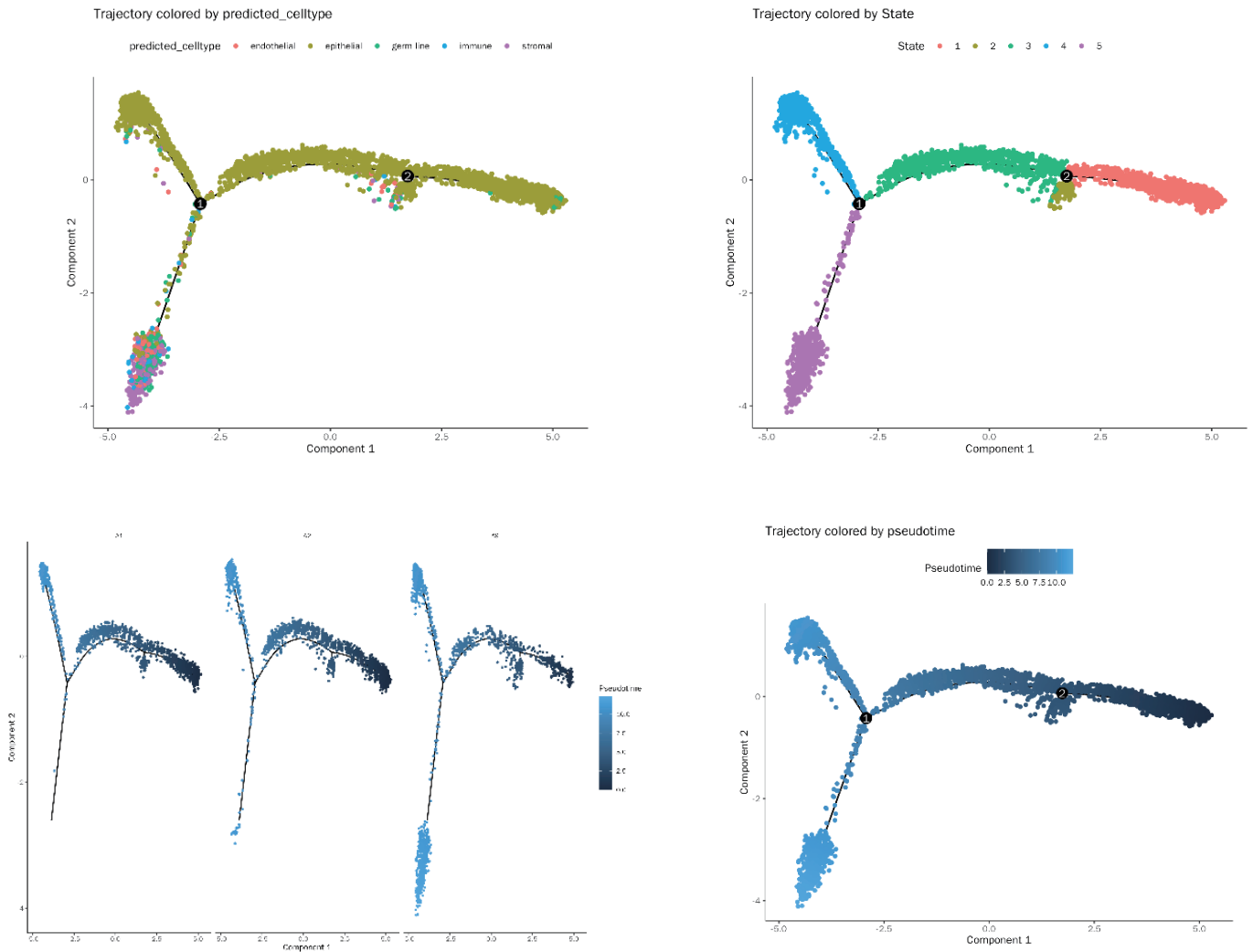
2.5.4.5 细胞分化轨迹图



该图展示了细胞在二维降维空间中推断出的分化或发育轨迹。每个点代表一个单细胞，其颜色(从深蓝到浅蓝)表示细胞的拟时序值，反映了细胞从早期(深蓝, 低拟时序)到晚期(浅蓝, 高拟时序)的连续进程。黑线勾勒出主要的细胞分化路径, 其中数字标记为的分支点表明细胞在此处可能经历命运决定, 分化为不同的细胞谱系或状态。



该图展示了不同细胞类型的伪时间分布密度



细胞状态 / 细胞类型 / 分组在拟时间中的分布图。该图展示了细胞在二维降维空间中的分布，并叠加了推断出的拟时序轨迹。每个点代表一个单细胞，其颜色表示其所属的细胞状态 / 细胞类型 / 分组。黑线勾勒出细胞从一个起始点到不同分化路径的连续轨迹。数字标记为是一个关键的分支点，指示了细胞命运的潜在分化或谱系选择。

2.5.5 应用场景

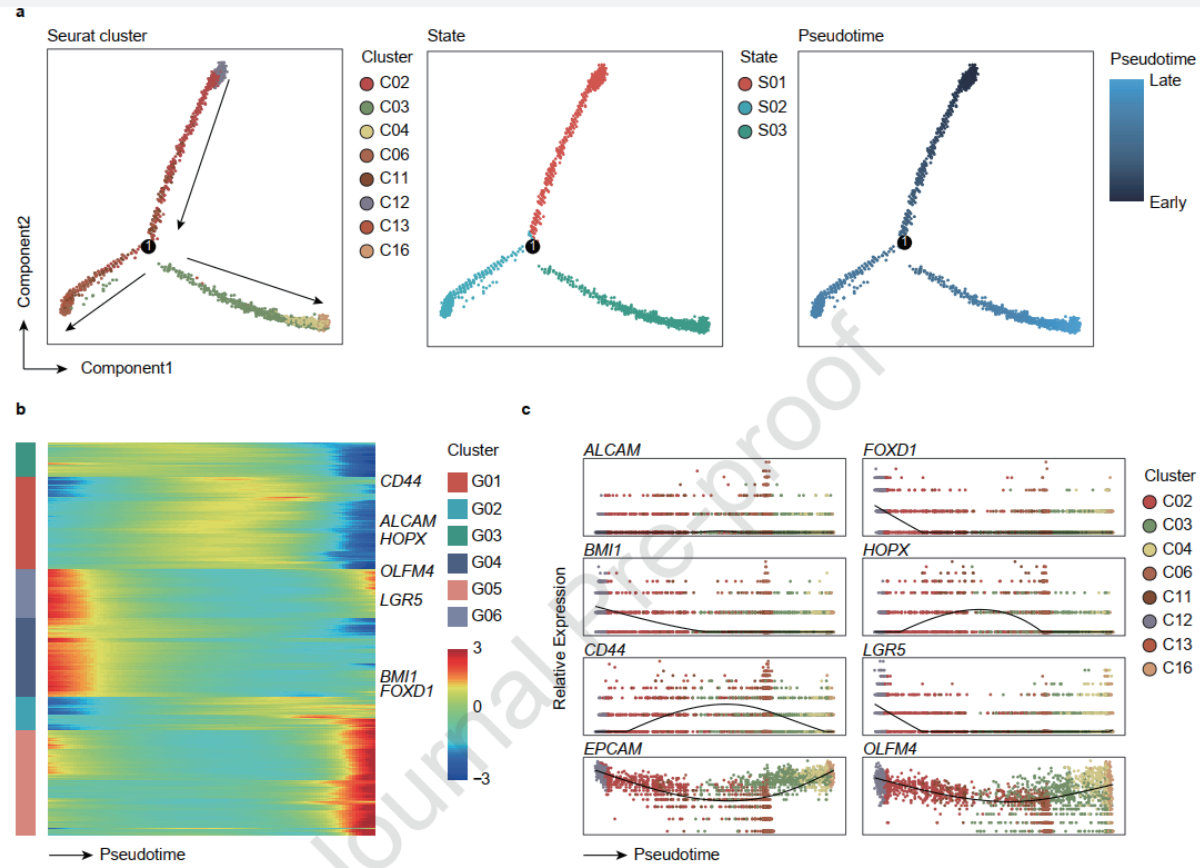
- 1) 描绘细胞分化或转分化的路径，例如干细胞如何分化为各种终末细胞。
- 2) 识别细胞命运决定的关键分支点及在该点起作用的基因。
- 3) 追踪在疾病进展或药物处理后，细胞状态的演化方向。

2.5.6 分析案例

2.5.6.1 案例一

01
案例

在结直肠癌肝转移研究中，整合原发灶和转移灶数据，抽提癌细胞做拟时序分析，得到转移灶发育早期状态的细胞亚群，即癌干细胞亚群。

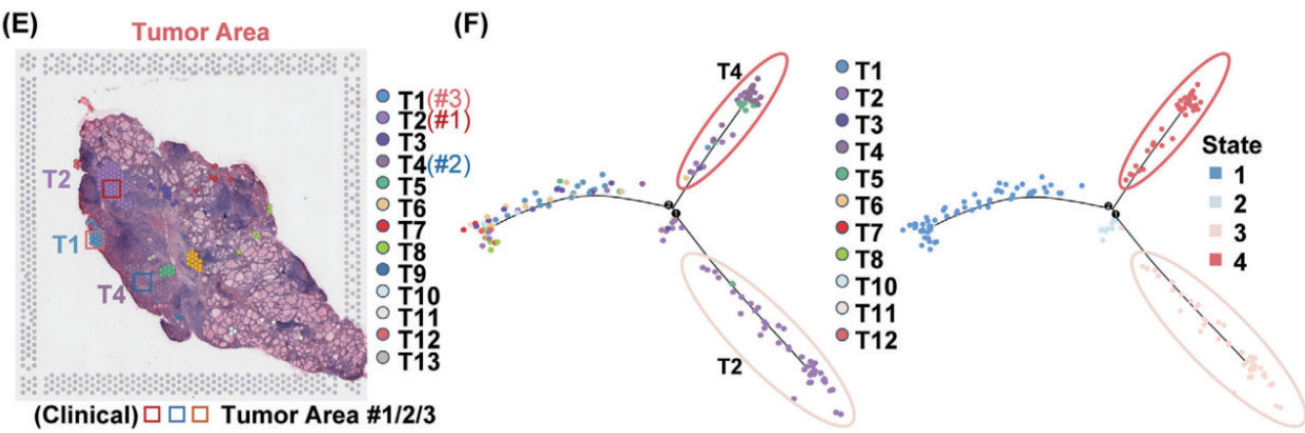


Zhou L, Wen R, et al. Spatial transcriptomic revealed intratumor heterogeneity and cancer stem cell enrichment in colorectal cancer metastasis[J]. Cancer Letters, 2024, 602(000):11.

2.5.6.2 案例二

02
案例

在甲状腺癌研究中，作者挑选了不同的癌区域，抽提癌细胞基因表达数据做拟时序分析，发现了低分化/侵袭性强的癌细胞亚群。



Yan K, Liu QZ, et al. Spatial transcriptomics reveals prognosis-associated cellular heterogeneity in the papillary thyroid carcinoma microenvironment. Clin Transl Med. 2024 Mar;14(3): e1594.

2.6 细胞互作分析

2.6.1 分析条目解释

细胞互作分析,通过系统性地分析细胞间受配体对的表达情况,来推断和量化不同细胞类型之间潜在的通信网络。

2.6.2 分析过程

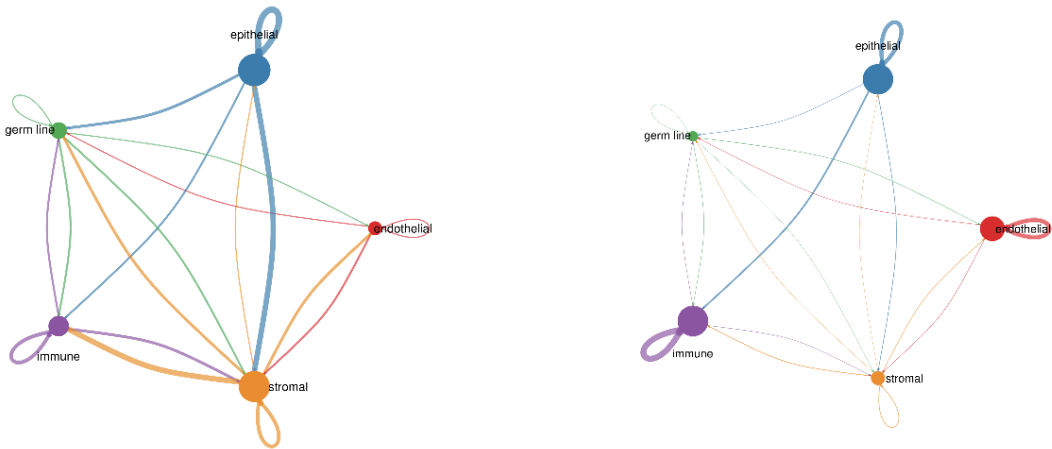
该分析基于 CellChat 算法,通过整合基因表达数据与已知的配体-受体互作数据库,对细胞间通讯进行量化与推断。不同项目的细胞通讯结果会不同,当没有分组信息时,只进行细胞类型的通讯分析;当有分组但没比较信息时,不仅进行细胞类型间的通讯分析,也会对每个分组内的细胞类型进行通讯分析;当存在分组比较信息时,会额外进行不同组间细胞通讯结果的比较。

2.6.3 分析价值

细胞不是孤立存在的,其功能和行为深受微环境中其他细胞的影响。理解细胞间对话是阐明组织稳态、免疫应答和疾病发生发展机制的关键。细胞通讯分析旨在系统性地解析细胞群体之间通过配体-受体相互作用构成的复杂信号网络,从而揭示微环境中细胞社会性的功能联系与调控机制。

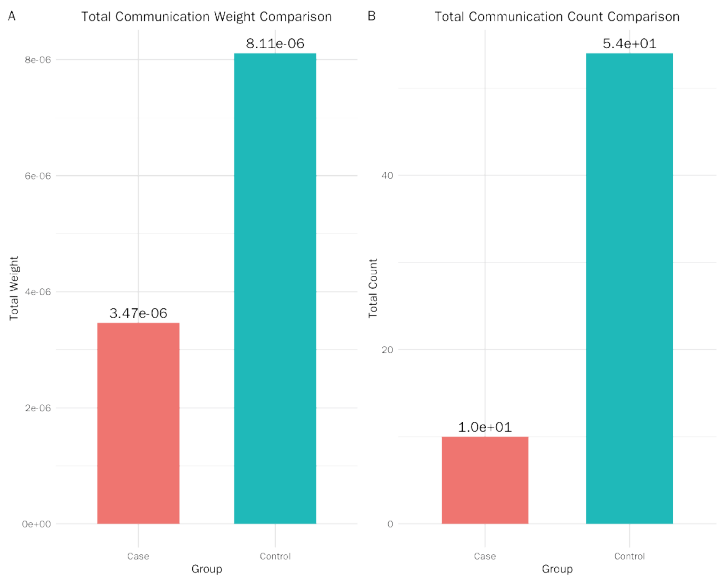
2.6.4 分析图例

2.6.4.1 细胞通讯网络图

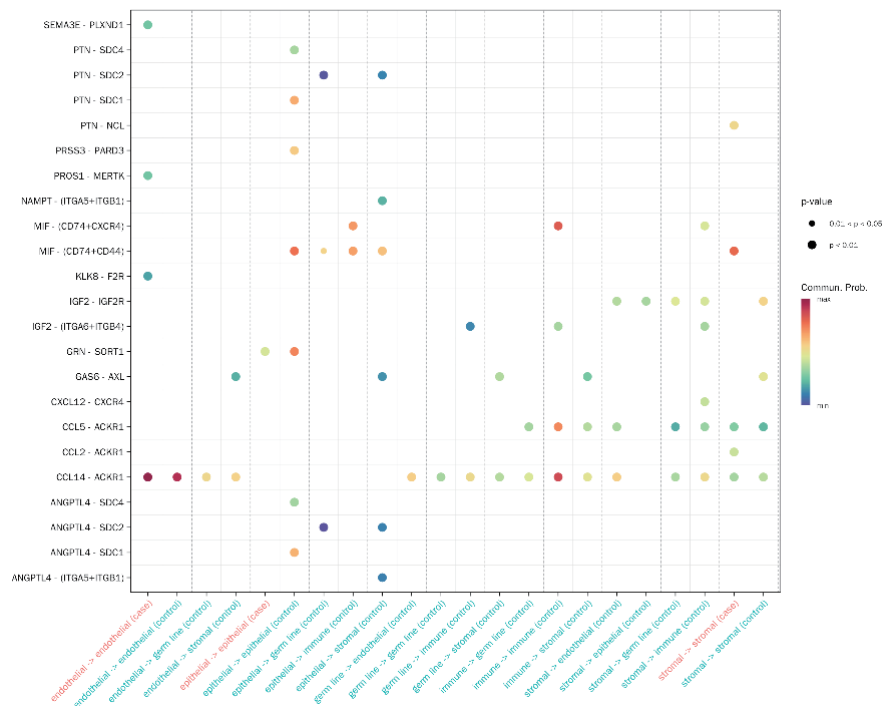


细胞类型间通讯分析图,连线的粗细表示相互作用的数量,图中每个节点代表一种细胞类型,连线连接相互作用的细胞对。

2.6.4.2 组间细胞通讯比较图



不同组通讯分析比较图注：由两个并列的柱状图组成,用于比较不同组中细胞间相互作用的关键指标。左侧图展示了推断出的相互作用的数量,右侧图展示了相互作用的整体强度。

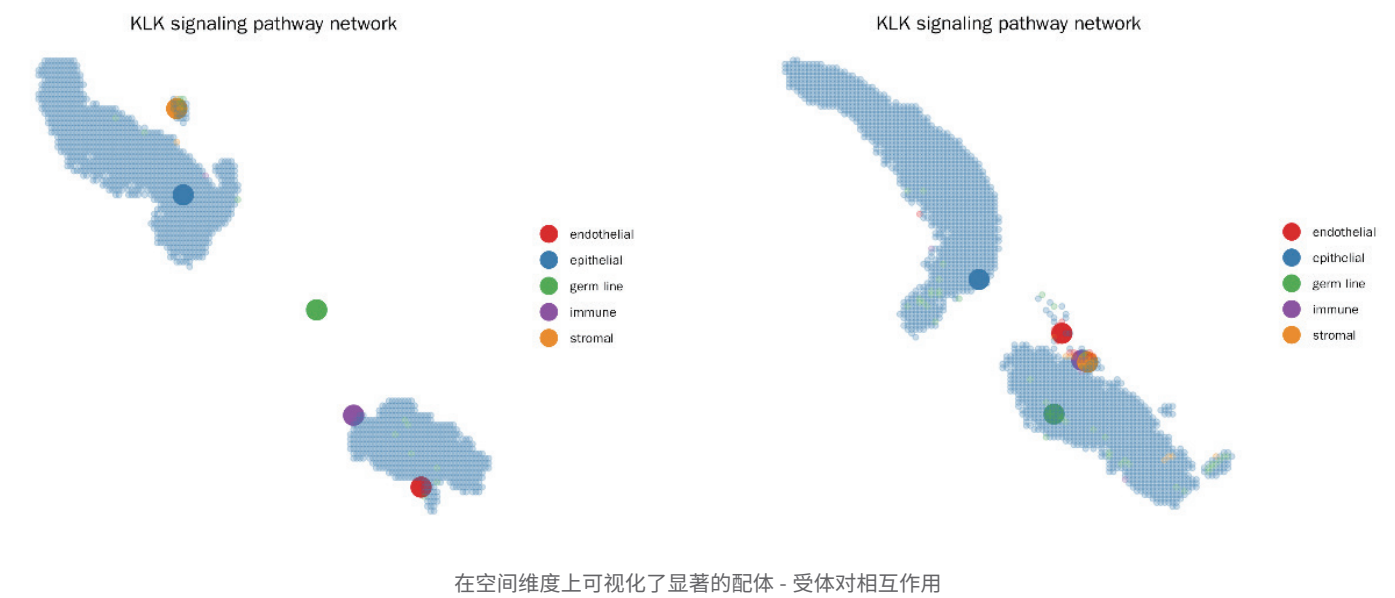


不同组间受配体作用差异气泡图,横坐标为细胞类型及组别,纵坐标为受体 - 配体作用基因。点颜色代表相互作用的概率,越红概率越高。

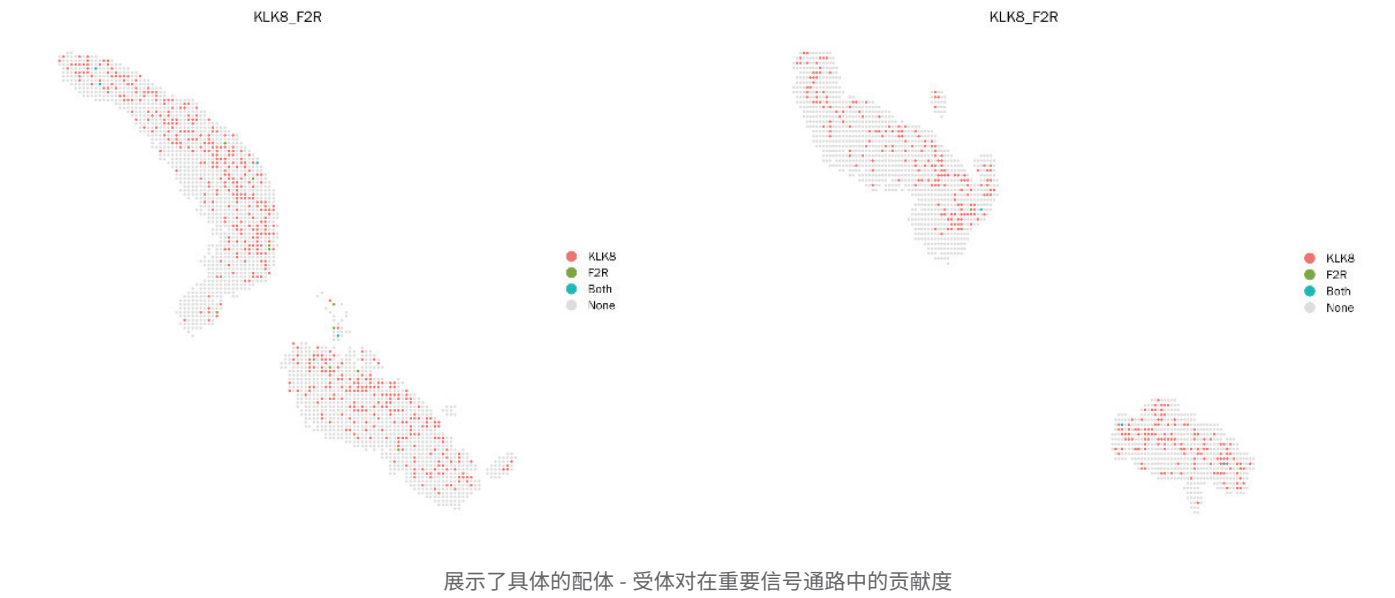


不同组通讯分析比较图,展示了不同分组中不同配体 - 受体对或信号通路的总信息流。Y 轴列出了具体的配体、受体或通路名称, X 轴表示信息流的强度。此图有助于识别在不同分组中,哪些细胞通讯通路或分子表现出显著的差异活性。

2.6.4.3 细胞互作空间展示图



2.6.4.4 配体-受体贡献图



2.6.5 应用场景

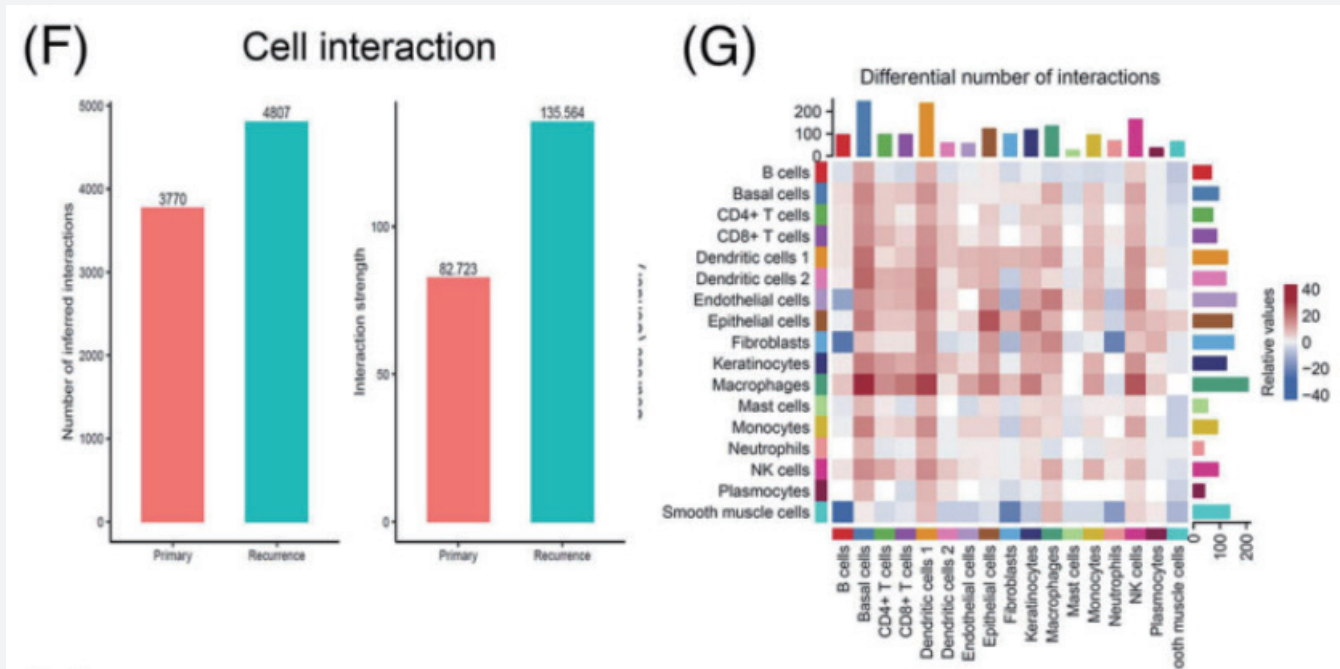
- 1) 揭示复杂的调控生态系统。
- 2) 预测某种细胞群如何通过分泌信号影响另一种细胞群的功能。
- 3) 为联合治疗策略提供理论依据。

2.6.6 分析案例

2.6.6.1 案例一

01
案例

在膀胱癌研究中,通过把患者配对的原发和复发组织空转数据做组间细胞通讯差异分析,得到了复发组织中显著增强的配—受体配对。

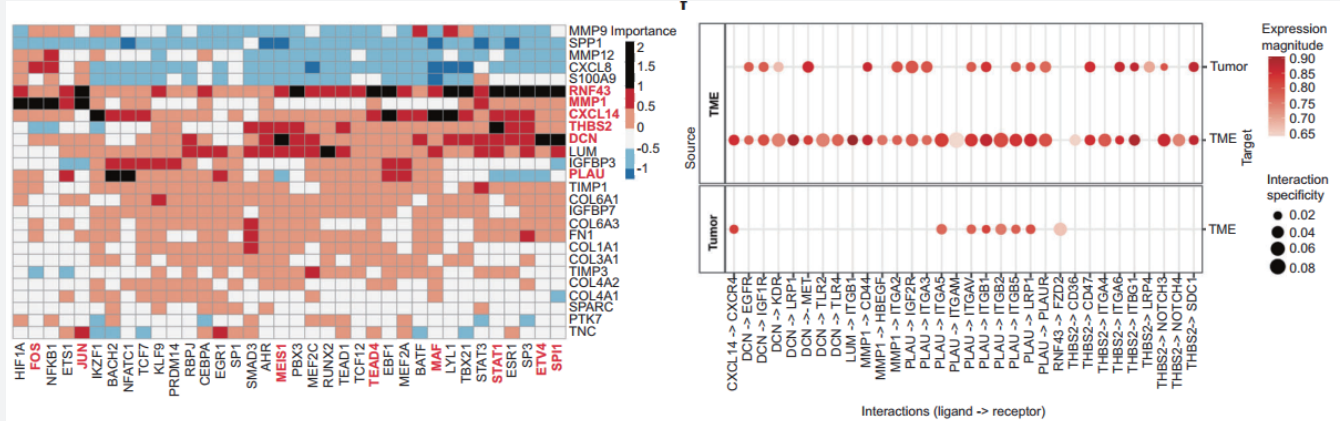


Shi ZD, Sun Z, et al. Integrated single-cell and spatial transcriptomic profiling reveals higher intratumour heterogeneity and epithelial-fibroblast interactions in recurrent bladder cancer. Clin Transl Med. 2023 Jul;13(7): e1338.

2.6.6.2 案例二

02
案例

在结直肠癌研究中,通过比较不同分子亚型区域的配体—受体对,然后做共定位分析,得到各分子亚型特异性的细胞生态位 (niche)。



Valdeolivas, Alberto, et al. Profiling the heterogeneity of colorectal cancer consensus molecular subtypes using spatial transcriptomics. NPJ precision oncology. 8.1(2024).

● 分析软件列表

软件名	版本号	软件用途
Scanpy	V1.9.81	空间转录组数据分析
Stereopy	V1.6.1	空间转录组数据分析
cell2location	V0.1.4	反卷积细胞类型注释
GSEAPy	V1.1.9	功能富集分析
Seurat	V4.2.0	空间转录组数据分析
Monocle	V2.24.1	拟时序分析
CellChat	V2.1.1	细胞通讯分析

● 参考文献

[1] Zhou L, Wen R, Bai C, Li Z, Zheng K, Yu Y, Zhang T, Jia H, Peng Z, Zhu X, Lou Z, Hao L, Yu G, Yang F, Zhang W. Spatial transcriptomic revealed intratumor heterogeneity and cancer stem cell enrichment in colorectal cancer metastasis. *Cancer Lett.* 2024 Oct 10;602:217181. doi: 10.1016/j.canlet.2024.217181. Epub 2024 Aug 17. PMID: 39159882.

[2] Wang Y, Liu B, Min Q, Yang X, Yan S, Ma Y, Li S, Fan J, Wang Y, Dong B, Teng H, Lin D, Zhan Q, Wu N. Spatial transcriptomics delineates molecular features and cellular plasticity in lung adenocarcinoma progression. *Cell Discov.* 2023 Sep 19;9(1):96. doi: 10.1038/s41421-023-00591-7. PMID: 37723144; PMCID: PMC10507052.

[3] Valdeolivas A, Amberg B, Giroud N, Richardson M, Gálvez EJC, Badillo S, Julien-Laferrrière A, Túrós D, Voith von Voithenberg L, Wells I, Pesti B, Lo AA, Yángüez E, Das Thakur M, Bscheider M, Sultan M, Kumpesa N, Jacobsen B, Bergauer T, Saez-Rodriguez J, Rottenberg S, Schwalie PC, Hahn K. Profiling the heterogeneity of colorectal cancer consensus molecular subtypes using spatial transcriptomics. *NPJ Precis Oncol.* 2024 Jan 10;8(1):10. doi: 10.1038/s41698-023-00488-4. PMID: 38200223; PMCID: PMC10781769.

[4] Shi ZD, Sun Z, Zhu ZB, Liu X, Chen JZ, Hao L, Zhu JF, Pang K, Wu D, Dong Y, Liu YF, Chen WH, Liang Q, Zhuo SC, Han CH. Integrated single-cell and spatial transcriptomic profiling reveals higher intratumour heterogeneity and epithelial-fibroblast interactions in recurrent bladder cancer. *Clin Transl Med.* 2023 Jul;13(7):e1338. doi: 10.1002/ctm2.1338. PMID: 37488671; PMCID: PMC10366350.

[5] Yan K, Liu QZ, Huang RR, Jiang YH, Bian ZH, Li SJ, Li L, Shen F, Tsuneyama K, Zhang QL, Lian ZX, Guan H, Xu B. Spatial transcriptomics reveals prognosis-associated cellular heterogeneity in the papillary thyroid carcinoma microenvironment. *Clin Transl Med.* 2024 Mar;14(3):e1594. doi: 10.1002/ctm2.1594. PMID: 38426403; PMCID: PMC10905537.

[6] Lai Z, Kong D, Li Q, Wang Y, Li K, Duan X, Shao J, Xie Y, Chen J, Zhang T, Feng Y, Deng H, Wang J, Wang C, Shu K, Zhao H, Du H, Jia C, Dai H, Xie L, Liu J, Luo X, Wang L, Xu L, Zhu Z, Lei X, Wang Y, Yang Y, Liu Y, Liang Y, Yang Y, Xie J, Liu B, Deng Z, Liu X. Single-cell spatial transcriptomics of tertiary lymphoid organ-like structures in human atherosclerotic plaques. *Nat Cardiovasc Res.* 2025 May;4(5):547-566. doi: 10.1038/s44161-025-00639-9. Epub 2025 Apr 28. PMID: 40295810.

[7] Shen Z, Zhang R, Huang Y, Chen J, Yu M, Li C, Zhang Y, Chen L, Huang X, Yang J, Lin Z, Wang S, Cheng B. The spatial transcriptomic landscape of human gingiva in health and periodontitis. *Sci China Life Sci.* 2024 Apr;67(4):720-732. doi: 10.1007/s11427-023-2467-1. Epub 2023 Dec 15. PMID: 38172357.

[8] Zhang B, Mei J, Liao Q, Zhou S, Huang H, Liu H, Xu X, Yu Y, Wu C, Wang W, Hu W, Zhu T, Zhang Y, Chen M, Zhu C, Yu M, Gao J, Tang X, Liu X, Guo Z, Zheng X, Zhuang W, Chen G, Tang L, Ding X, Cheng H, Li Y, Wang H, Li H, Zhang Y, Fan X, Chen R, Rong Z, Liu P, Liu S, Yue Z, Wang P, Cai Z, Gao M, Wang Z, Fang X, Zhou F, Tang H. Multitranscriptome analysis reveals stromal cells in the papillary dermis to promote angiogenesis in psoriasis vulgaris. *Br J Dermatol.* 2025 Mar 18;192(4):672-683. doi: 10.1093/bjd/ljae459. PMID: 39569441.

[9] Mayr CH, Santacruz D, Jarosch S, Bleck M, Dalton J, McNabola A, Lempp C, Neubert L, Rath B, Kamp JC, Jonigk D, Kühnel M, Schlüter H, Klimowicz A, Doerr J, Dick A, Ramirez F, Thomas MJ. Spatial transcriptomic characterization of pathologic niches in IPF. *Sci Adv.* 2024 Aug 9;10(32):eadl5473. doi: 10.1126/sciadv.adl5473. Epub 2024 Aug 9. PMID: 39121212; PMCID: PMC11313858.



公众号



官网

联系方式:

邮箱: info@id-biotech.com

网址: www.id-biotech.com

地址: 海南省三亚市崖州湾科技城招商三亚深海装备产业园A栋9楼