

eAgent 产品说明文档

项目	内容
产品名称	eAgent
当前版本	v0.1.0
访问地址	https://eAgent.huanglabxmu.com/web
技术支持	orangec930@gmail.com

目录

- [一、产品概述](#)
 - [1.1 什么是 eAgent](#)
 - [1.2 产品定位](#)
- [二、核心能力](#)
 - [2.1 通用智能能力](#)
 - [2.2 差异化执行能力](#)
 - [2.3 能力总览](#)
- [三、常见问题（FAQ）](#)

一、产品概述

1.1 什么是 eAgent

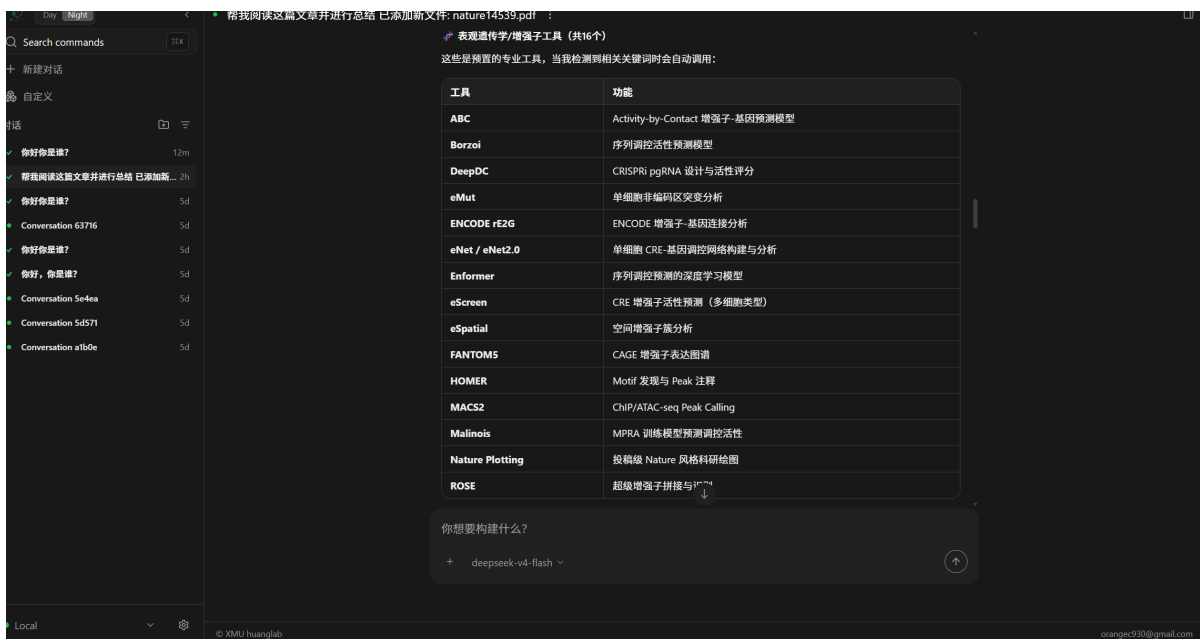
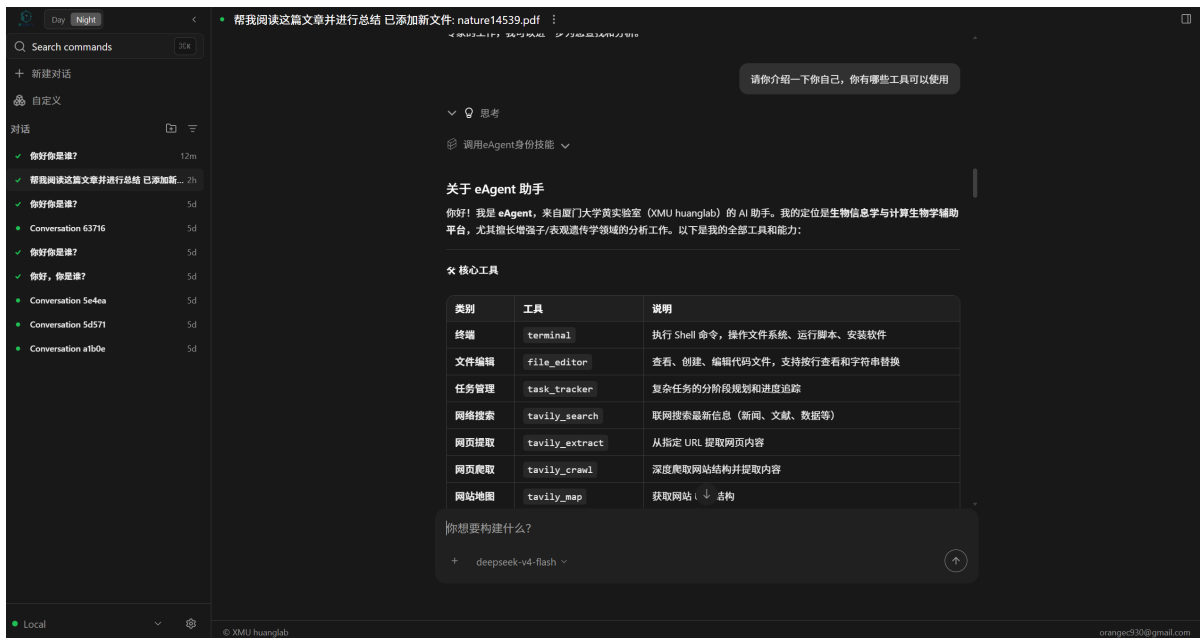
eAgent 是一款面向生命科学领域的 **AI 智能体（Agent）** 产品。您可以将其理解为：具备专业生物学知识、且能够**自主执行任务**的智能助手。

与 DeepSeek、ChatGPT 等通用大模型相比，二者的核心差异如下：

对比维度	通用大模型（DeepSeek / ChatGPT）	eAgent
交互方式	以问答、建议、代码片段为主	以对话驱动， 直接执行并交付结果
代码能力	生成代码，但不代为运行与排错	自动运行代码，遇错自主调试
分析能力	提供分析思路与步骤说明	完成全流程分析并输出可下载文件
用户操作	需自行配置环境、运行脚本	发送文字指令、上传文件即可

简而言之：您只需通过自然语言描述需求并传输相关文件，eAgent 即可代为完成分析、生成报告、绘制图表等工作，并在执行过程中自主纠错，将最终结果交付给您。

以下为 eAgent 官方界面中的产品自述：



1.2 产品定位

eAgent 致力于成为生命科学科研工作者的「对话即交付」智能工作台——不仅回答「怎么做」, 更直接完成「做完并给出结果」。

二、核心能力

eAgent 既具备通用大模型的知识问答能力, 更在**任务执行与结果交付**方面形成显著优势。以下为代表性应用场景。

2.1 通用智能能力

eAgent 可完成与 DeepSeek、ChatGPT 类似的常规智能任务, 包括但不限于:

（1）文献阅读与解读

上传或指定文献后，eAgent 可辅助精读、提炼要点并回答相关问题。



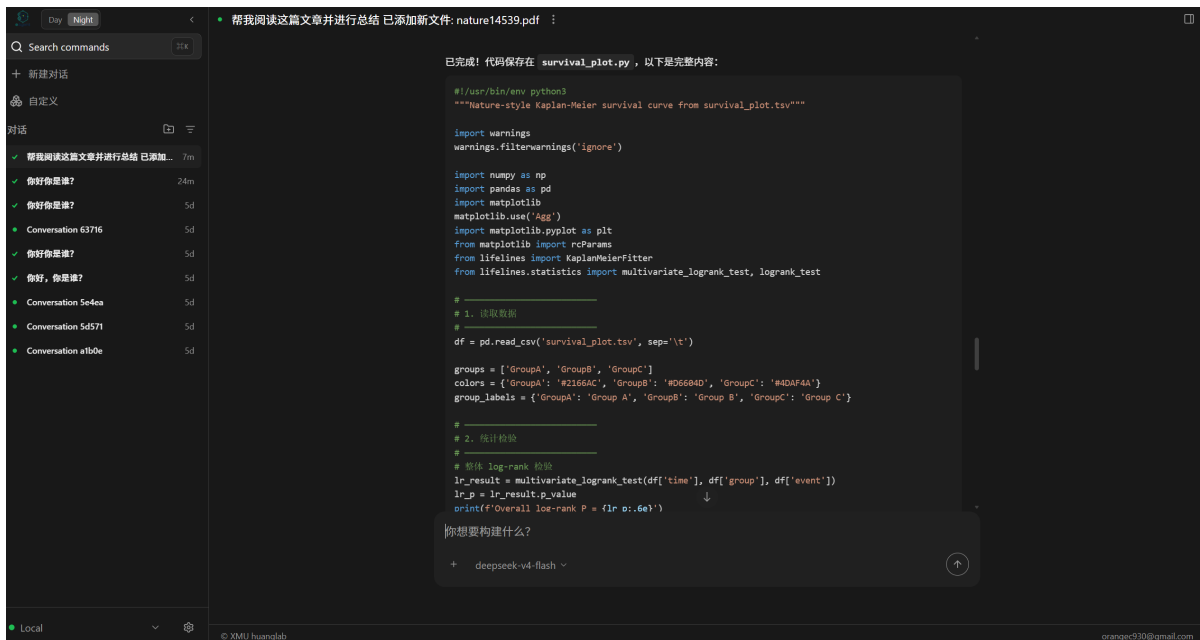
（2）联网检索与信息获取

接入联网搜索能力后，可检索最新研究进展、数据库资源及公开信息。



（3）代码编写

根据需求自动生成、修改并解释代码。



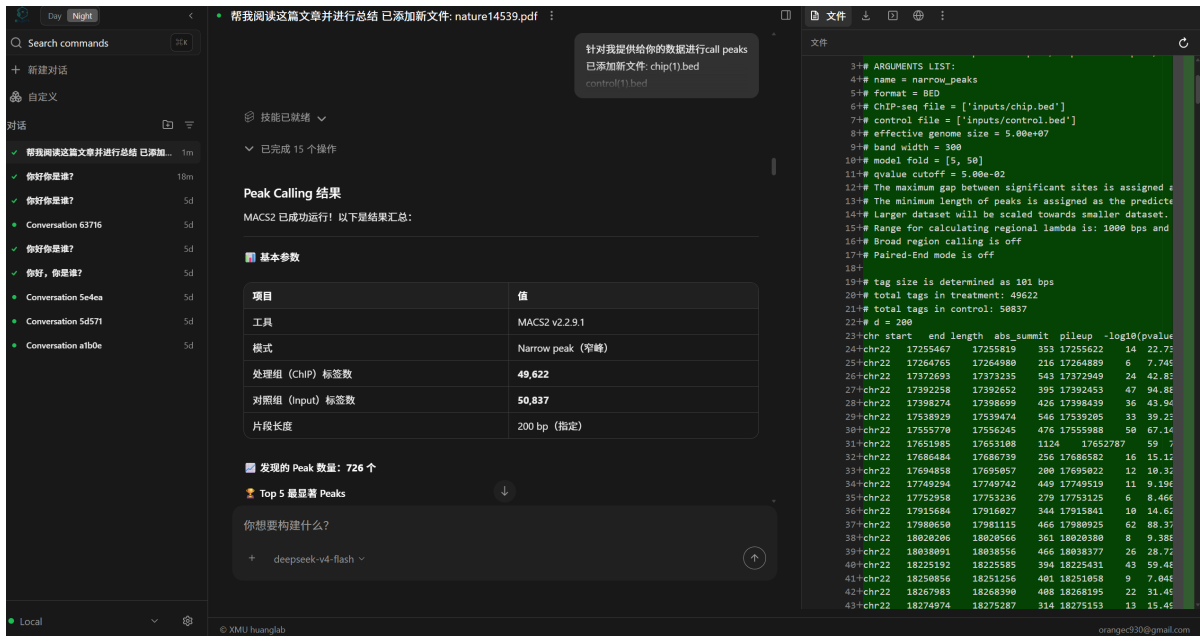
以上仅为部分示例，更多用法欢迎在实践中探索。

2.2 差异化执行能力

以下能力为 eAgent 相较通用大模型的核心差异：不仅给出方案，更代为执行并交付可直接使用的产出物。

（1）端到端生物学分析

以 ChIP-seq 数据的 peak calling 为例：用户下达分析指令后，eAgent 可自动完成调用、运行与结果整理。



Day Night

Search commands

新建对话

自定义

对话

帮我阅读这篇文章并进行总结 已添加新文件: nature14539.pdf

Top 5 最显著 Peaks

#	染色体	区域	signalValue	-log10(qvalue)
1	chr22	17392257-17392652	40.05	90.69
2	chr22	17980649-17981115	31.88	84.30
3	chr22	17651984-17653108	25.35	70.56
4	chr22	17555769-17556245	25.81	63.46
5	chr22	18225191-18225585	24.71	55.97

■ 整体质量

指标	值
Peak 信号强度均值	14.63 (范围: 2.65-66.95)
平均 -log10(qvalue)	31.59
峰值宽度中位数	~200-300 bp (典型的 TF 窄峰特征)

■ 输出文件

文件	说明
outputs/narrow_peaks_peaks.narrowPeak	主结果文件 (726个peaks)
outputs/narrow_peaks_peaks.xls	↓ cel 格式详情 (含 p-value, fold enrichment 等)

你想要构建什么?

+ deepseek-v4-flash

文件

```
3## ARGUMENTS LIST:
4## name = narrow_peaks
5## format = BED
6## CHIP-seq file = ['inputs/chip.bed']
7## control file = ['inputs/control.bed']
8## effective genome size = 5.00e+07
9## band width = 300
10## model fold = [5, 50]
11## qvalue cutoff = 5.00e-02
12## The maximum gap between significant sites is assigned as
13## The minimum length of peaks is assigned as the predicted
14## Larger dataset will be scaled towards smaller dataset.
15## Range for calculating regional lambda is: 1000 bps and
16## Broad region calling is off
17## Paired-End mode is off
18#
19## tag size is determined as 101 bps
20## total tags in treatment: 49622
21## total tags in control: 58837
22## d = 200
23# chr start end length abs_summit pileup -log10(pvalue)
24+chr22 17255467 17255819 353 17255622 14 22.75
25+chr22 17264965 17264980 216 17264889 6 7.745
26+chr22 17372693 17373235 543 17372949 24 42.83
27+chr22 17392258 17392652 395 17392453 47 94.88
28+chr22 17398274 17398699 426 17398439 36 43.94
29+chr22 17538929 17539474 546 17539205 33 39.23
30+chr22 17555770 17556245 476 17555988 58 67.14
31+chr22 17651985 17653108 1124 17652787 59 7
32+chr22 17686484 17686739 256 17686582 16 15.12
33+chr22 17694858 17695057 200 17695022 12 10.32
34+chr22 17749294 17749742 449 17749519 11 9.196
35+chr22 17752958 17753236 279 17753125 6 8.466
36+chr22 17915684 17916027 344 17915841 10 14.62
37+chr22 17980650 17981115 466 17980925 62 88.37
38+chr22 18020206 18020566 361 18020380 8 9.381
39+chr22 18038091 18038556 466 18038377 26 28.72
40+chr22 18225192 18225585 394 18225431 43 59.48
41+chr22 18258856 18251256 401 18251058 9 7.048
42+chr22 18267983 18268390 408 18268195 22 31.45
43+chr22 18274974 18275287 314 18275153 13 15.45
```

结果下载方式: 在对话界面右上角打开文件面板, 展开后点击 **Download**, 即可下载对应分析产出文件。

Day Night

Search commands

新建对话

自定义

对话

帮我阅读这篇文章并进行总结 已添加新文件: nature14539.pdf

峰值宽度中位数 ~200-300 bp (典型的 TF 窄峰特征)

■ 输出文件

文件	说明
outputs/narrow_peaks_peaks.narrowPeak	主结果文件 (726个peaks)
outputs/narrow_peaks_peaks.xls	Excel 格式详情 (含 p-value, fold enrichment 等)
outputs/narrow_peaks_summits.bed	每个 peak 的 summit 位置 (可用于 motif 分析)

🔥 生物学解读

1. **Peak 数量 (726个)** 属于正常范围, 适合转录因子类 ChIP-seq 数据
2. 信号强度高 (最高达 66.95, 均值 14.63), 说明富集效果良好
3. 非常窄的峰型 (~200-300 bp), 符合转录因子结合的特征 (而非组蛋白标记的宽峰)
4. 平均 $-\log_{10}(qvalue) = 31.59$, 绝大多数 peaks 统计极其显著

需要我进一步对结果做 Motif 分析或 Peak 注释 (如 HOMER annotatePeaks) 吗?

我想你帮我写一篇关于增强子相关的英文综述, 大约2000单词, 并保存为docx文件

✓ 已完成 7 个操作

综述已成功生成并保存! 文件位于:

■ Enhancers_Review.docx (44 KB, 约 2,760 词)

你想要构建什么?

+ deepseek-v4-flash

文件

Downloads

数据下载

当前对话的输出文件: 仅你可见

Enhancers_Review.docx 44.8 KB Download

macs2_task_outputs_narrow_peaks_peaks.narrowPeak 56.1 KB Download

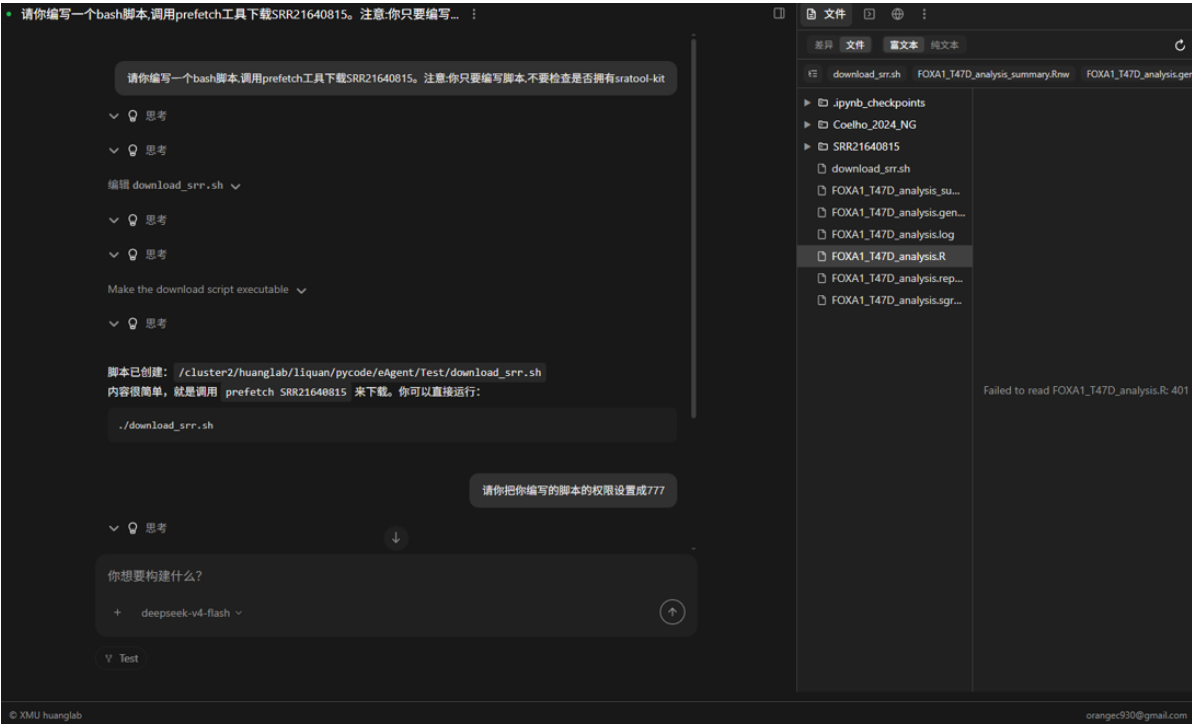
macs2_task_outputs_narrow_peaks_peaks.xls 61.5 KB Download

macs2_task_outputs_narrow_peaks_summits.bed 38.1 KB Download

survival_curve.png 127.6 KB Download

完整流程验证案例 (由用户 liquan 实测): 从公开数据下载、比对至 BAM、peak calling 及下游分析, 并与原文结果对照。

- 任务规划与数据下载:



FASTQ 下载与 BAM 比对:

Name	Size (KB)	Last modified	Owner
..			
SRR21640817_1.fastq.gz	546 653	2026-07-07 19:05	rchen
SRR21640817_2.fastq.gz	539 656	2026-07-07 19:05	rchen
SRR21640816_1.fastq.gz	621 092	2026-07-07 18:55	rchen
SRR21640816_2.fastq.gz	630 096	2026-07-07 18:55	rchen
SRR21640815_1.fastq.gz	584 014	2026-07-07 18:43	rchen
SRR21640815_2.fastq.gz	596 500	2026-07-07 18:43	rchen
SRR21640814_1.fastq.gz	613 720	2026-07-07 18:31	rchen
SRR21640814_2.fastq.gz	614 395	2026-07-07 18:31	rchen

/cluster2/huanglab/liquan/pycode/eAgent/Test/HUDEP2_ATAC/bam/			
Tools	Size (KB)	Last modified	Owner
..			
SRR21640817.filtered.bam.bai	3 415	2026-07-07 22:13	rchen
SRR21640817.filtered.bam	685 164	2026-07-07 22:13	rchen
SRR21640816.filtered.bam.bai	3 202	2026-07-07 21:57	rchen
SRR21640816.filtered.bam	820 052	2026-07-07 21:57	rchen
SRR21640815.filtered.bam.bai	3 422	2026-07-07 21:38	rchen
SRR21640815.filtered.bam	735 279	2026-07-07 21:38	rchen
SRR21640814.filtered.bam.bai	3 395	2026-07-07 21:21	rchen
SRR21640814.filtered.bam	742 894	2026-07-07 21:21	rchen

- Peak calling 与下游分析:



/cluster2/huanglab/liquan/pycode/eAgent/Test/HUDEP2_ATAC/peaks/

Name	Size (KB)	Last modified	Owner
..			
homer_KO_up		2026-07-08 10:44	rchen
KO_up_peaks.bed	38	2026-07-08 10:32	rchen
HUDEP2_KO_vs_CTRL_diffpeaks.bed	207	2026-07-07 22:30	rchen
counts_HUDEP2_CTRL_rep2.txt	1 506	2026-07-07 22:30	rchen
counts_HUDEP2_CTRL_rep1.txt	1 503	2026-07-07 22:29	rchen
counts_HUDEP2_KO_rep2.txt	1 505	2026-07-07 22:28	rchen
counts_HUDEP2_KO_rep1.txt	1 506	2026-07-07 22:27	rchen
HUDEP2_all_merged.bed	1 317	2026-07-07 22:25	rchen
HUDEP2_CTRL_consensus.bed	3 791	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_KO_consensus.bed	3 854	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1_summits.bed	3 843	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1_peaks.narrowPeak	5 460	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1_peaks.xls	5 900	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_KO_rep1.clean.bed	5 520	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2.clean.bed	5 384	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1.clean.bed	5 459	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_KO_rep2.clean.bed	5 533	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1_control_lambda.bdg	567 419	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep1_treat_pileup.bdg	483 718	2026-07-07 22:21	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2_peaks.xls	5 818	2026-07-07 22:19	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2_peaks.narrowPeak	5 386	2026-07-07 22:19	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2_summits.bed	3 786	2026-07-07 22:19	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2_treat_pileup.bdg	579 149	2026-07-07 22:19	rchen
HUDEP2_CTRL_rep2_control_lambda.bdg	669 207	2026-07-07 22:19	rchen
HUDEP2_KO_rep1_peaks.narrowPeak	5 521	2026-07-07 22:17	rchen
HUDEP2_KO_rep1_summits.bed	3 847	2026-07-07 22:17	rchen
HUDEP2_KO_rep1_treat_pileup.bdg	514 477	2026-07-07 22:17	rchen
HUDEP2_KO_rep1_control_lambda.bdg	624 993	2026-07-07 22:17	rchen
HUDEP2_KO_rep1_peaks.xls	5 975	2026-07-07 22:17	rchen
HUDEP2_KO_rep2_peaks.xls	5 988	2026-07-07 22:15	rchen
HUDEP2_KO_rep2_peaks.narrowPeak	5 534	2026-07-07 22:15	rchen
HUDEP2_KO_rep2_summits.bed	3 854	2026-07-07 22:15	rchen



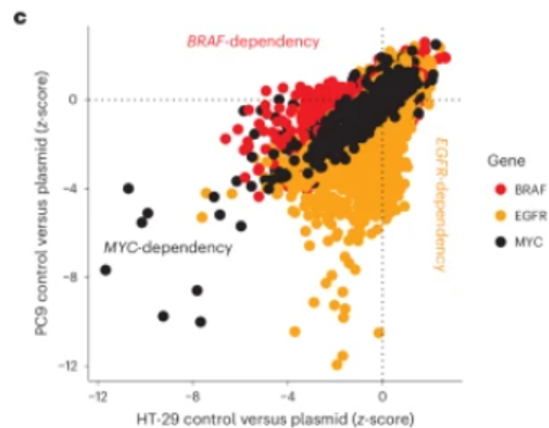
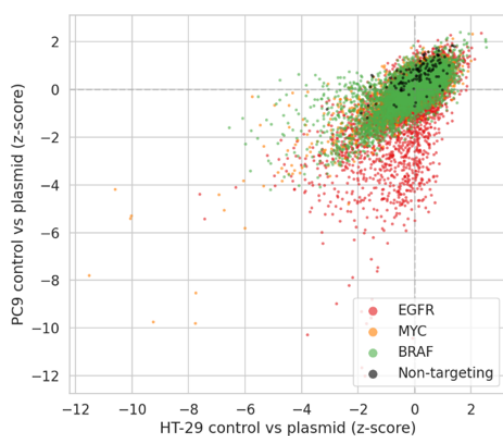
Remote monitoring



Follow terminal folder

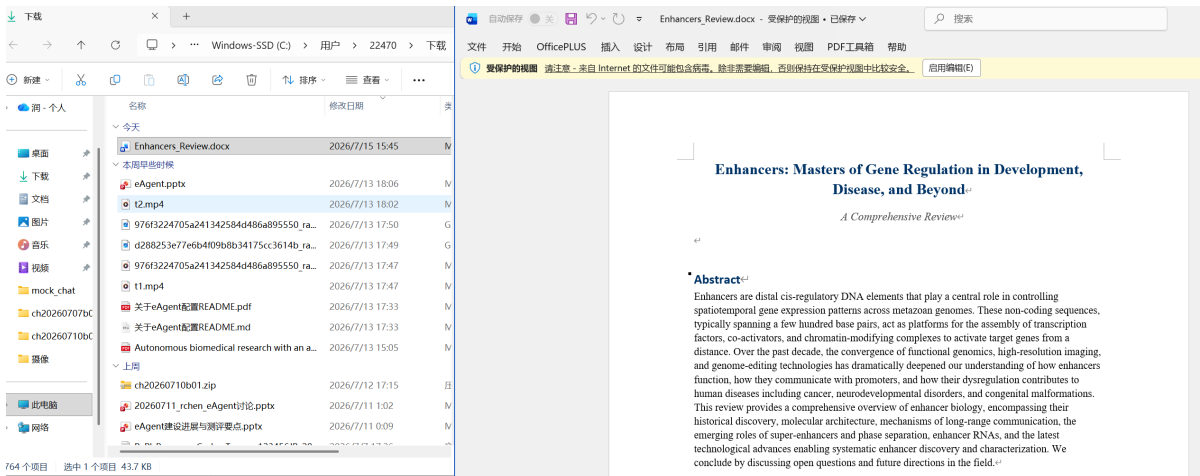
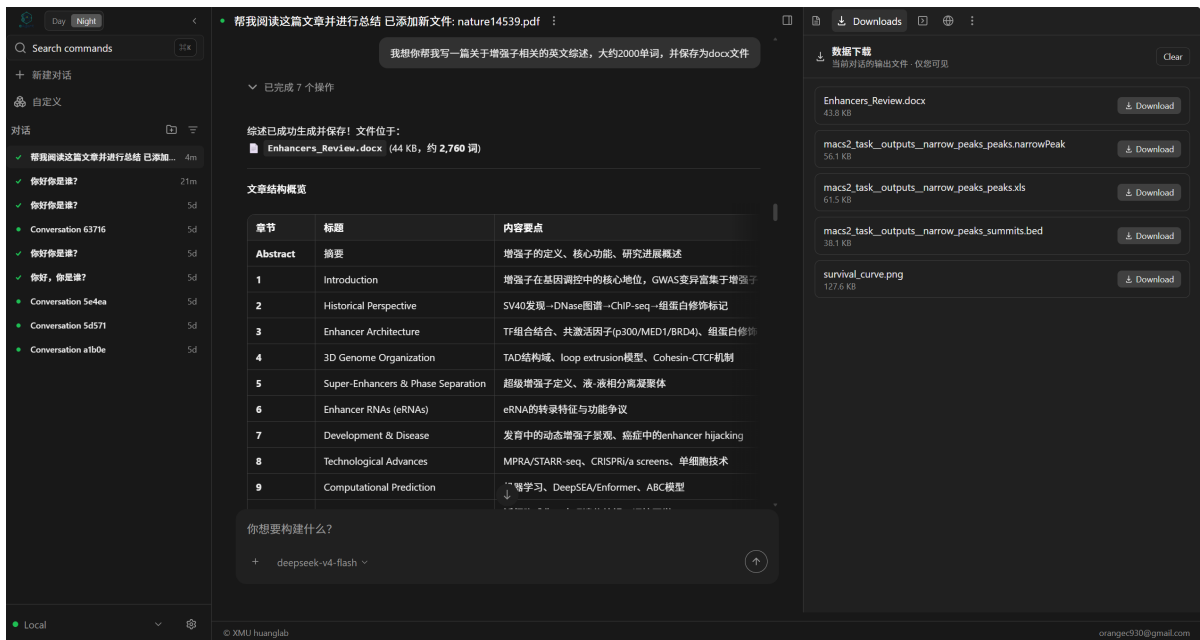
/cluster2/huanglab/liquan/pycode/eAgent/Test/HUDEP2_ATAC/			
Name	Size (KB)	Last modified	Owner
..			
peaks		2026-07-08 10:32	rchen
logs		2026-07-07 22:25	rchen
bam		2026-07-07 22:13	rchen
fastq		2026-07-07 18:55	rchen
HUDEP2_KO_vs_CTRL_diffpeaks.bed	207	2026-07-07 22:30	rchen
run_atac_peak.sh	8	2026-07-07 22:25	rchen
HUDEP2_CTRL_peaks.bed	3 791	2026-07-07 22:25	rchen
HUDEP2_KO_peaks.bed	3 854	2026-07-07 22:25	rchen
metadata.txt	1	2026-07-07 18:18	rchen

- 与原文结果对照（左：eAgent 输出；右：原文）：



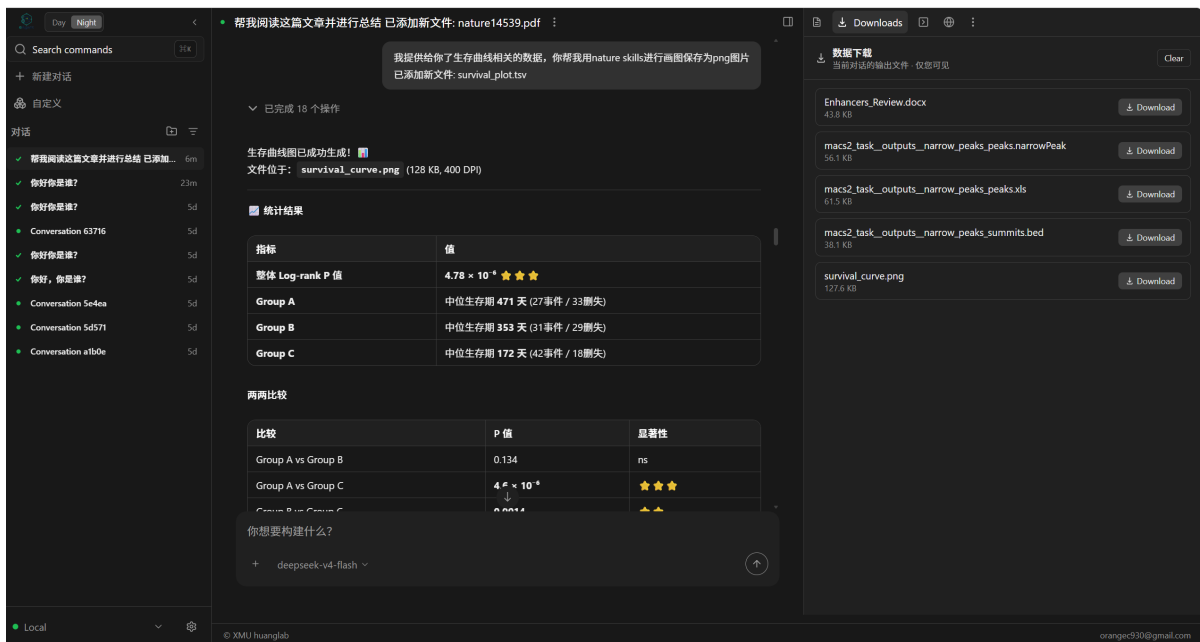
(2) 文档撰写与交付

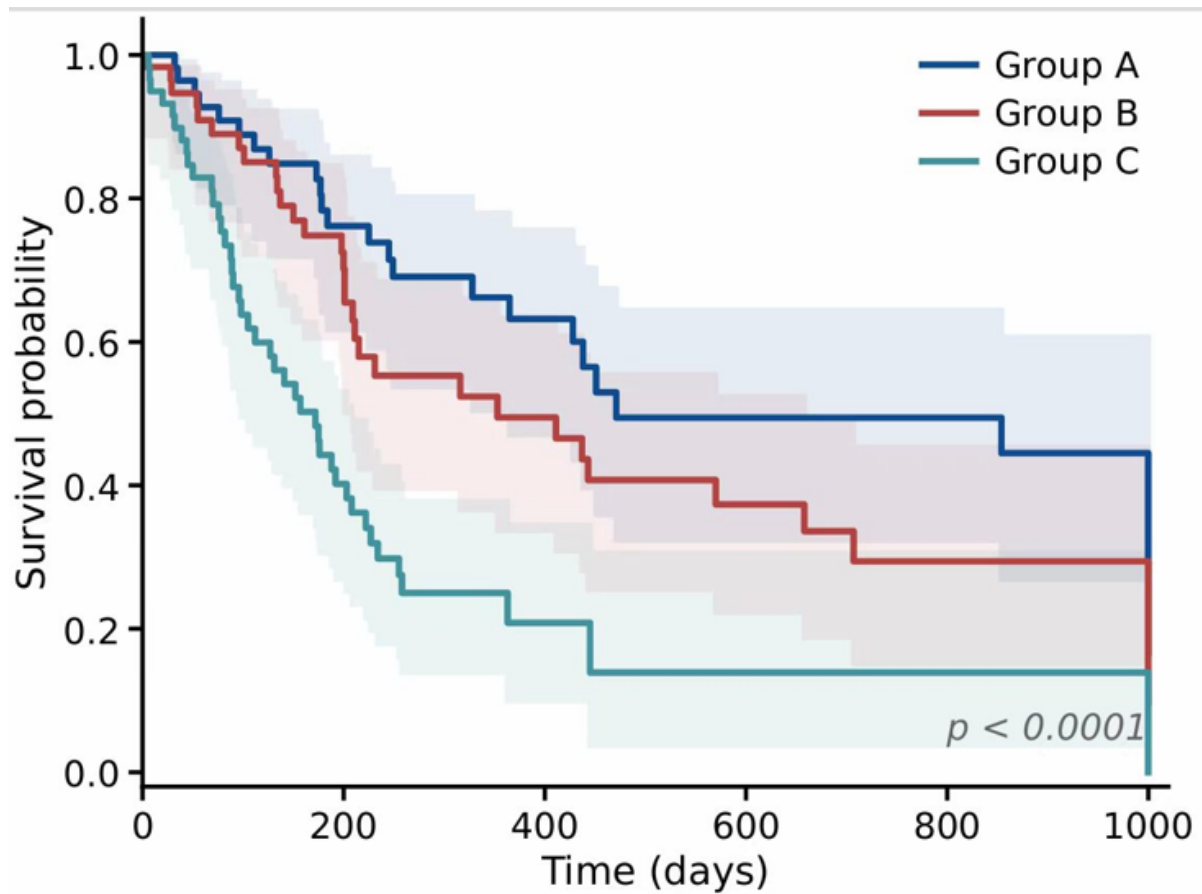
提出撰写综述、报告等需求并指定输出格式（如 Word）后，eAgent 将直接生成可下载的文档文件。



(3) 科研级数据可视化

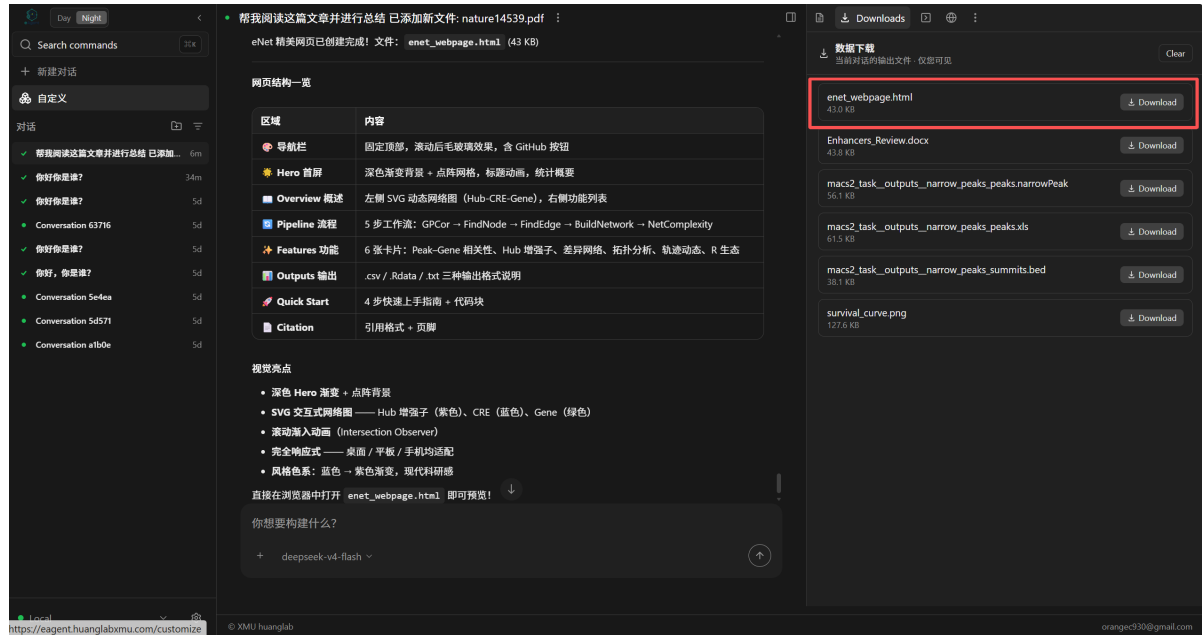
内置 Nature Skills 绘图能力，支持按 Nature 系列期刊风格生成发表级图表。





(4) 扩展开发与原型搭建

除生物学分析外，eAgent 还可协助完成网页设计、原型开发等扩展任务。



eNet

Overview

Pipeline

Features

Usage

Citation

GitHub →

v1.0 · Single-cell CRE–Gene Network

Infer regulatory CRE–gene networks from single-cell data

eNet integrates scATAC-seq and scRNA-seq to build genome-scale enhancer–gene regulatory networks, identify hub enhancers, and reveal cell-type-specific regulatory logic.

▶ Get Started

Learn More →

6

scRNA +

Hub

Pipeline Steps

scATAC Inputs

Enhancer Detection

eNet

Overview

Pipeline

Features

Usage

Citation

GitHub →

What is eNet?

A computational framework for reconstructing enhancer–gene regulatory networks from single-cell multimodal data.

From single-cell data to regulatory networks

eNet leverages paired scATAC-seq and scRNA-seq measurements to infer correlations between chromatin accessibility at candidate regulatory elements (CREs) and gene expression levels across individual cells.

The resulting networks capture the regulatory relationships that define cell identity, developmental trajectories, and disease states.

- ✓ Built on **GPCor** — peak-to-gene correlation across single cells
- ✓ Identifies **hub enhancers** with high network centrality
- ✓ Supports **differential network** comparison across conditions
- ✓ Compatible with **Seurat / Signac / Cicero** ecosystems

2.3 能力总览

能力类别	说明
文献阅读与总结	精读文献、提炼要点、辅助解读
数据分析	端到端执行生物信息学分析流程
表观组学工具	内置 16 种表观遗传学分析工具，支持按需扩展
代码开发与调试	编写、运行、排错一体化

能力类别	说明
课题方案设计	辅助研究设计与方案撰写
联网调研	检索最新进展、专家信息及数据库资源

以上仅为代表性场景。eAgent 为可扩展智能体平台，实际应用边界随使用场景持续拓展。

三、常见问题（FAQ）

Q1：如何注册与登录？

请访问 <https://eAgent.huanglabxmu.com/web>，使用邮箱完成注册与登录。

Q2：首次启动为何需要较长时间？

首次冷启动通常需等待 **1~3 分钟**，属正常现象。系统需完成服务初始化与依赖加载，请耐心等待。

Q3：界面显示「运行中」但似乎无响应，是否正常？

当对话框显示「**运行中**」时，表示 eAgent 正在后台执行任务。受 Web 端带宽限制，界面偶发短暂卡顿，**任务通常仍在正常推进**。新建对话时亦可能需要数秒至数十秒初始化，请稍候后刷新或继续等待。

Q4：提示「LLM 配置问题」应如何处理？

若出现 LLM 配置相关报错，常见原因为 **API 额度不足或密钥失效**。请查阅随产品附带的 `关于eAgent配置README.pdf`，或联系技术支持：orange930@gmail.com。

Q5：还有其他问题如何获取帮助？

如有产品使用、配置或功能方面的其他疑问，请发送邮件至：orange930@gmail.com。