转录因子活性分析:

转录因子活性分析基于 R 包 - CoRegNet 去分析的;其原理是通过输入的基因表达矩阵,根据 hLICORN(自带的算法)算法推测基因与转录因子之间的靶向关系从而得到一个大规模共调控网络。其结果包括:

| -- TFs_activity_grn.txt

转录因子和基因的互作关系表

Target 基因 ID

coact 激活基因的 TF

corep 抑制基因的 TF

Coef.Acts 激活基因的 TF 的活性评分

Coef.Reps 抑制基因的 TF 的活性评分

Coef.coActs 协作调控 TFs 的活性评分

Coef.coReps 互遏调控 TFs 的活性评分

R2 确定系数,区间通常在(0,1)之间,通过数据的变化来表征

一个拟合(即预测的正确性)的好坏。

RMSE 标准误差,用来衡量观测值同真值之间的偏差。

-- TFs_cornet.txt

激活基因的 TF 的活性评分

Reg1 TF1

Reg2 TF2

Support 活性评分

NA 同 nGRN

nGRN GRN 表示基因调控网络;在 h-Licorn 算法中,对于每一个基因(无法作为 TF 的靶基因的基因),会根据转录组表达数据来鉴定一组至少 n 个候选基因调控网络 GRN 1,GRN 2,…,GRN n。 对于给定的基因 g,GRN 由一组共激活 TFs(A)和一组共抑制 TFs(I)组成,GRN =(A,I,g),其中 A 和 I 是 TF 组,但两者都不能为空且无交集。 nGRN 表示调控网络中 TFs的数目(A+I)。如果未设定 nGRN 的值,则选择最佳 GRN 中 TF 的数目。默认选择最佳 GRN。

fisherTest fisher 精确检验 P 值

adjustedPvalue 校正后的 P 值。

| -- TFs_influence.txt

转录因子活性分析表

第一列表示转录因子(TF);

第二到最后一列依次表示 TF 在不同的样品中的活性评分;评分的绝对值越高表示 TF 的转录活性越高。负值表示负向调控,正值表示正向调控。

TFs_influences_heatmap.pdf

转录因子活性聚类热图;

横坐标代表样品名称及样品的聚类结果;

纵坐标代表的 TF 及 TF 的聚类结果。

图中不同的列代表不同的样品,不同的行代表不同的 TF。颜色代表了 TF 在样品中的活性评分,红色表示正向调控基因的 TF 的活性,蓝色表示负向调控基因的 TF 的活性;颜色越深 TF 活性越高。

TFs_network.pdf

协作转录因子的网络图:

图中的节点为转录因子 TFs,边为存在协作关系。边(edge)的宽度表示此边连接的两个节点间的协作作用的关系强弱,协作作用的关系越强,边越宽。没有的组合代表没有协作关系。边的粗细同 nGRN 值成正比。

注:转录因子和基因的互作关系也可以画成网络图,但因这部分数据庞大,请确定具体转录因子和基因进行绘制。