

## RESEARCH

# Hoffmann's sign

Diego De Pablo<sup>\*</sup>, Alejandro Silva Rodríguez, Juan Ignacio Soriano Muñoz and Marta Cuevas Rodríguez

<sup>\*</sup>Correspondence:

[depablodiego@uma.es](mailto:depablodiego@uma.es)

ETSI Informática, Universidad de Málaga, Málaga, España

Full list of author information is available at the end of the article

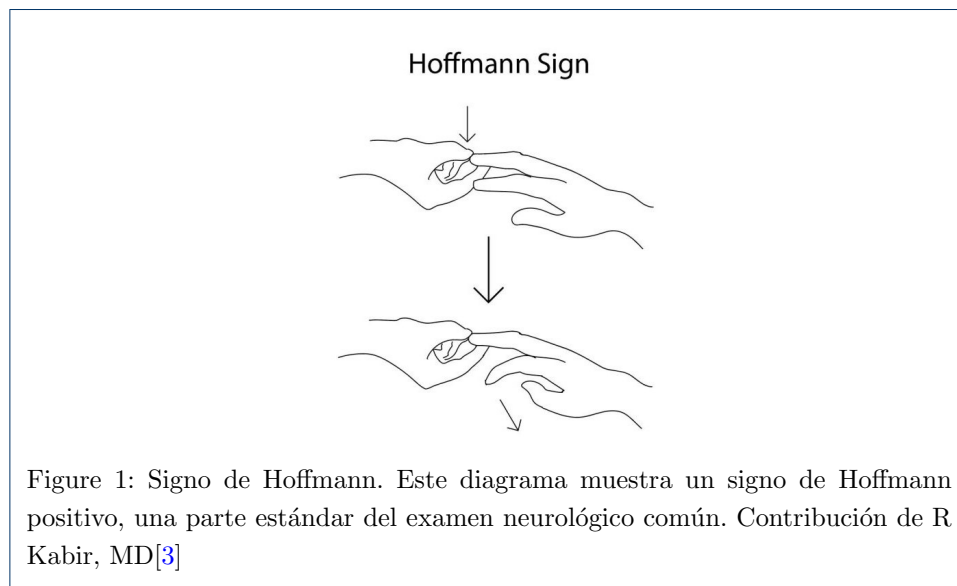
### Abstract

El resumen debe ser de un solo párrafo, entre 100 y 130 palabras. No incluir URL ni referencias a figuras o esquemas. Las referencias no incluirse en el resumen. Idealmente debe incluir el contexto, el objeto del trabajo y la principal aportación o novedad deducida del trabajo. Tiempos verbales: resultados y lo que se hace en pasado. futuro en cuanto a implicaciones a futura

**Keywords:** Signo de Hoffman; Propagación de genes; author

## 1 Introducción

El signo de Hoffmann es un reflejo patológico que se desencadena al percutir la uña del dedo medio, produciéndose un movimiento de flexión involuntario del pulgar cuando el examinador mueve la uña del dedo medio hacia abajo (ver Figura 1). Fue propuesto por el neurólogo alemán Johann Hoffmann, a finales del siglo XIX, y descrito por primera vez por su asistente Hans Curschmann, en 1911 [1]. El signo de Hoffmann también ha sido denominado de diferentes formas, como 'reflejo digital', 'signo de Jakobson', entre otros [2].



Se ha utilizado en la práctica clínica durante aproximadamente cien años. Es una herramienta para detectar alteraciones en las vías corticoespinales. Estas vías conectan la corteza cerebral con la médula espinal.[1]

En la década de 1930, se realizaron estudios sobre la incidencia del signo de Hoffmann en estudiantes universitarios sanos. Los resultados mostraron una incidencia

del 2% y 1.63% [4] [5], aunque solo incluyeron sujetos masculinos [2]. Este hallazgo clínico ha sido útil para detectar mielopatía cervical espondilótica temprana [6]. Denno y Meadows propusieron una variante de la prueba, el signo de Hoffmann 'dinámico'. Esta variante incluye flexiones activas del cuello [2].

El signo de Hoffmann es un fenotipo que ha sido identificado en una serie de enfermedades neurodegenerativas y trastornos del tracto corticoespinal, muchas de ellas caracterizadas por alteraciones motoras progresivas (ver Tabla 1). Entre estas patologías se encuentran diversas formas de paraplejía espástica hereditaria. Estas son un grupo clínicamente y genéticamente heterogéneo de trastornos neurológicos, caracterizados principalmente por espasticidad progresiva y, a menudo, pérdida del sentido de la vibración en los miembros inferiores [7], tanto autosómica dominante como recesiva. Por ejemplo, la paraplejía espástica 9A, de herencia autosómica dominante [8], y las formas recesivas como la paraplejía espástica 72, asociadas con disfunción motora grave.

Enfermedades neurodegenerativas más conocidas, como la esclerosis lateral amiotrófica (ELA), también muestran una asociación con el signo de Hoffmann, debido a la degeneración de las motoneuronas superiores [9]. Diversas formas de ataxias espásticas, relacionadas con la falta de coordinación motora [10], como la ataxia espástica 9 y 10, completan el espectro de condiciones en las que este reflejo patológico se manifiesta.

Table 1: Lista de enfermedades con sus respectivos identificadores de las bases de datos Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM)[11] y Online Database of Rare Diseases and Orphan Drugs (ORPHA)[12].

Disease Id	Disease Name
OMIM:601162	Spastic paraplegia 9A, autosomal dominant
OMIM:618850	Hypervalinemia or hyperleucine-isoleucinemia
ORPHA:206448	Adult Krabbe disease
OMIM:615625	Spastic paraplegia 72, autosomal recessive
ORPHA:803	Amyotrophic lateral sclerosis
OMIM:620402	Neuronopathy, distal hereditary motor, autosomal recessive 9
OMIM:615491	Spastic paraplegia 79, autosomal recessive
OMIM:615681	Spastic paraplegia 62, autosomal recessive
ORPHA:139396	X-linked cerebral adrenoleukodystrophy
OMIM:620666	Spastic ataxia 10, autosomal recessive
OMIM:618438	Spastic ataxia 9, autosomal recessive
OMIM:619621	Spastic paraplegia 84, autosomal recessive

A nivel molecular, diversos genes han sido asociados con condiciones que incluyen este signo, reflejo que indica alteraciones en los tractos corticoespinales. Entre estos genes destacan superoxide dismutase type 1 (SOD1), TAR DNA binding protein (TARDBP), Ubiquilina 2 (UBQLN2) y NIMA related kinase 1 (NEK1). Todos son vinculados a la esclerosis lateral amiotrófica. Las mutaciones en SOD1 [13], TARDBP [14] y UBQLN2 [15] afectan las motoneuronas superiores. Esto contribuye a la aparición de reflejos patológicos como el signo de Hoffmann. Además, NEK1 ha sido recientemente asociado con formas hereditarias de ELA [16], lo que refuerza su implicación en el deterioro de las vías motoras. Las alteraciones en estos genes provocan una degeneración progresiva de las neuronas motoras, subrayando

la relevancia del signo de Hoffmann como un marcador clave en enfermedades neurodegenerativas.

A pesar de los avances en la comprensión del signo de Hoffmann, sigue siendo necesario integrar datos moleculares y fenotípicos para analizar mejor su papel en enfermedades neurodegenerativas. El análisis de redes biológicas sería un modelo interesante para la identificación de patrones relevantes y profundizar en el conocimiento de estas patologías.

## 2 Objetivos

### 2.1 Objetivo General

Explorar las interacciones entre genes y proteínas asociadas al Signo de Hoffman, utilizando bases de datos bioinformáticas y herramientas de análisis de redes para identificar posibles grupos funcionales y patrones de interacción relevantes.

### 2.2 Objetivos Específicos

- 1 Identificar genes asociados al signo de Hoffman mediante la utilización de la Human Phenotype Ontology (HPO) y otras bases de datos relevantes.
- 2 Construir una red de interacciones proteína-proteína (PPI) basada en los genes obtenidos, utilizando StringDB para analizar las interacciones de las proteínas codificadas por estos genes.
- 3 Aplicar algoritmos de análisis de redes para calcular métricas topológicas y determinar características clave de la red.
- 4 Aplicar clustering en la red de interacción para identificar grupos de genes o proteínas que presenten una alta conectividad.
- 5 Determinar las principales funciones biológicas y vías metabólicas en las que están involucrados los genes identificados mediante enriquecimiento funcional.

## 3 Materiales y Herramientas

### 3.1 Bases de datos

#### 3.1.1 Human Phenotype Ontology (HPO)

Es una base de datos que estandariza los fenotipos clínicos humanos y vincula genes y enfermedades a cada fenotipo obteniendo las interacciones genéticas.[17].

#### 3.1.2 StringDB

La base de datos STRING (*Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins*) es una base de datos que reúne datos experimentales, predicciones y literatura para informar sobre interacciones proteicas. [18].

### 3.2 Lenguajes de Programación

#### 3.2.1 R

El lenguaje de programación R específicamente la versión 4.3.3. Es un lenguaje para exploración estadística y creación de gráficos. Es flexible, ampliable con paquetes y de código abierto bajo el proyecto GNU. [19].

#### *Manipulación y Visualización de Datos:*

- **tidyverse:** Conjunto de paquetes (incluyendo *dplyr* y *ggplot2*) que permiten manipular y graficar datos. *dplyr* facilita el manejo de grandes datasets, mientras que *ggplot2* permite generar gráficos de alta calidad [20].

#### *Análisis Bioinformático:*

- **Bioconductor:** Conjunto de paquetes especializados en el análisis de datos genómicos. [21].
- **iGraph para R:** Paquete para R que contiene herramientas para la manipulación y análisis de redes. Además, incluye funciones para medir propiedades globales como modularidad y densidad [22].

#### *3.2.2 Python*

El lenguaje de programación *Python* es versátil y de alto nivel, usado en diversas aplicaciones. Es interpretado, por lo que no requiere compilación previa, que permite el uso de librerías y APIs para diversas funciones. A continuación, se describen las librerías específicas empleadas en este estudio:

#### *Análisis de Redes y Grafos:*

- **NetworkX:** Complemento de iGraph para la visualización y análisis interactivo de grafos, permitiendo inspeccionar la estructura y propiedades de redes de interacción proteína-proteína (PPI) [23].

#### *Extracción y Manipulación de Datos:*

- **Requests:** Necesario para realizar consultas a APIs como HPO y StringDB, a fin de recuperar datos de interacciones. [26].
- **Pandas:** Herramienta de manipulación de datos, utilizada para estructurar y limpiar datos previos a su análisis en redes. [27].

## **4 Métodos**

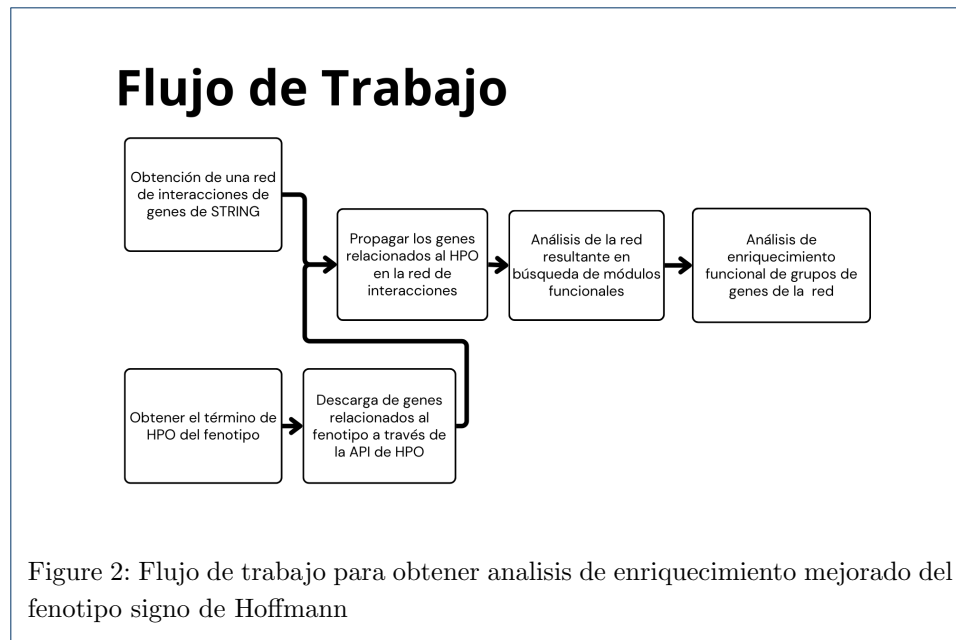
### **4.1 Flujo de trabajo**

#### **4.2 Obtención de genes relacionados con signo de Hoffman**

Para obtener los genes relacionados con el signo de Hoffman (HP:0031993), se utilizó la API de la Ontología de Fenotipos Humanos (HPO). El recurso consultado contiene nuestro termino HPO y el endpoint de genes (<https://ontology.jax.org/api/network/annotation/HP:0031993/download/gene>). Mediante una solicitud HTTP, se extrajo y almacenó esta información en archivos con formato .tsv, facilitando así su posterior análisis.

#### **4.3 Obtención de red de interacciones de genes**

Para el análisis de interacciones génicas, se utilizó una red de interacciones obtenida de la base de datos STRING. Las interacciones de proteínas humanas (*Homo sapiens*, ID taxonómico: 9606) fueron descargadas de el endpoint de descargas de STRING (<https://stringdb-downloads.org/download/protein.links.v12.0/9606.protein.links.v12.0.txt.gz>). Solo se consideraron interacciones con una puntuación combinada (*combined score*) mayor o igual a 400.



#### 4.4 Propagación de red

Para identificar genes adicionales asociados al conjunto de genes iniciales relacionados con el Signo de Hoffman, se aplicó el algoritmo de propagación de red DIAMOnD [29]. Se utilizó la red de interacciones génicas como base, y el algoritmo añadió nodos que optimizaban la cercanía topológica al clúster de genes, priorizando aquellos con menor p-valor. En caso de empate, se empleó la suma ponderada de los pesos de las conexiones con los genes del grafo para desempatar, dando preferencia a los nodos con conexiones más relevantes y fuertemente conectados.

#### 4.5 Análisis de red

Para el análisis de redes, se utilizó el algoritmo de Louvain [28] para detectar módulos funcionales en la red optimizando la partición de la red y maximizando su modularidad. Además, se implementaron métricas topológicas como la centralidad de grado, que mide el número de conexiones directas de cada nodo; la centralidad de intermediación, que identifica nodos clave en el flujo de información; y la centralidad de cercanía, que evalúa la proximidad de un nodo respecto al resto. Estas métricas, calculadas mediante la librería iGraph descrita en los materiales.

#### 4.6 Análisis de enriquecimiento funcional

Una vez identificados los clusters, se realizó un análisis de enriquecimiento funcional con la herramienta Enrichr [30] que compara diferentes fuentes de datos para determinar qué funciones biológicas, rutas metabólicas o procesos celulares están sobrerrepresentados en los grupos de genes detectados.

## 5 Resultados

Este estudio explora las interacciones génicas asociadas al Signo de Hoffman con el fin de identificar patrones relevantes que contribuyan a la comprensión de su rol en enfermedades neurodegenerativas. Se aplicaron técnicas de propagación de red para

añadir genes adicionales y se realizaron análisis topológicos y de enriquecimiento funcional para determinar las funciones biológicas y vías metabólicas implicadas.

### 5.1 Red de interacción entre genes

Se obtienen 46 genes relacionados con el termino del signo de Hoffmann de HPO, a los cuales se le aplica propagación de red mediante DIAMOnD hasta establecer 66 genes (20 genes añadidos).

**INSERTAR FIGURA DE LA RED DSP DE DIAMOND PERO SIN NADA**

### 5.2 Propiedades de la red y detección de comunidades

En el análisis de la red generada a partir de los genes asociados al signo de Hoffman, se identificaron las siguientes propiedades generales de la red (ver Tabla 2):

Table 2: Propiedades generales de la red

Propiedad	Valor
Número de nodos	63
Número de aristas	439
Grado promedio	13.94
Densidad de la red	0.22
Modularidad	0.41

La modularidad de la red, calculada como 0.41, indica una estructura modular moderada con comunidades bien definidas. En total, se detectaron siete comunidades principales, cuyos tamaños se presentan en la Tabla 3.

Table 3: Tamaños de las comunidades detectadas en la red

Comunidad	Tamaño (Número de nodos)
1	20
2	3
3	32
4	2
5	2
6	2
7	2

Para evaluar el papel estructural de los genes en la red, se calcularon métricas topológicas como la centralidad de cercanía y la centralidad de intermediación. Los resultados para los cinco nodos principales en cada métrica se presentan en las Tablas 4 y 5.

Table 4: Top 5 nodos con mayor centralidad de cercanía

Gen	Centralidad de cercanía
DAO	1.0000
COQ4	1.0000
ERBB4	1.0000
COQ7	1.0000
OPTN	0.0108

Table 5: Top 5 nodos con mayor centralidad de intermediación

Gen	Centralidad de intermediación
RAB11A	208.26
UNC13A	188.01
VCP	148.44
DCTN1	139.38
PON1	112.00

### 5.3 Análisis de enriquecimiento funcional

Se obtuvieron resultados significativos para los clusters uno y tres, que son los que más número de genes albergan. En las figuras 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 se muestran los resultados más significativos por cada clúster y categoría.

Table 6: Análisis de Enriquecimiento - GO Biological Process - Cluster 1

Término	Genes	p-value
Golgi to plasma membrane transport (GO:0006893)	RAB10, EXOC8, EXOC6B, EXOC4, EXOC6, EXOC5, EXOC2, EXOC1	7.33e-17
cilium organization (GO:0044782)	ARF4, EXOC8, EXOC7, RAB3IP, ASAP1, RAB11A, EXOC4, EXOC3, EXOC6, EXOC5, RAB11FIP3, RAB8A, EXOC2, EXOC1	1.53e-23
plasma membrane bounded cell projection assembly (GO:0120031)	ARF4, EXOC8, EXOC7, RAB3IP, ASAP1, RAB11A, EXOC4, EXOC3, EXOC6, EXOC5, RAB11FIP3, RAB8A, EXOC2, EXOC1	2.60e-22

Table 7: Análisis de Enriquecimiento - GO Cellular Component - Cluster 1

Término	Genes	p-value
insulin-responsive compartment (GO:0032593)	RAB10, MYO5A	3.41e-05
recycling endosome (GO:0055037)	RAB10, MYO5A, RAB11FIP3, RAB11A, RAB8A	2.65e-07
recycling endosome membrane (GO:0055038)	RAB11FIP3, RAB11A, RAB8A	2.55e-05

Table 8: Análisis de Enriquecimiento - GO Molecular Function - Cluster 1

Término	Genes	p-value
myosin V binding (GO:0031489)	RAB10, RAB11A, RAB8A	3.86e-07
myosin binding (GO:0017022)	RAB10, RALA, RAB11A, RAB8A	2.58e-07
small GTPase binding (GO:0031267)	EXOC8, EXOC4, MYO5A, EXOC5, RAB11FIP3, RAB8A, EXOC2	2.45e-10

Table 9: Análisis de Enriquecimiento - KEGG Pathways - Cluster 1

Término	Genes	p-value
Endocytosis	RAB10, ASAP1, RAB11FIP3, ARF5, RAB11A, RAB8A	1.04e-07
Pancreatic cancer	RALA, IKBKG	0.00252
Pancreatic secretion	RAB11A, RAB8A	0.00426

Table 10: Análisis de Enriquecimiento - Procesos Biológicos (GO:BP) - Cluster 3

Término	Genes	p-value
Positive regulation of ATP biosynthetic process (GO:2001171)	VCP, TREM2, PPARGC1A	3.10e-07
Positive regulation of purine nucleotide biosynthetic process (GO:1900373)	VCP, TREM2, PPARGC1A	1.05e-06
Regulation of ATP biosynthetic process (GO:2001169)	VCP, TREM2, PPARGC1A	2.05e-06

Table 11: Análisis de Enriquecimiento - Componentes Celulares (GO:CC) - Cluster 3

Término	Genes	p-value
Intracellular non-membrane-bounded organelle (GO:0043232)	FIG4, GLE1, VCP, TAF15, DCTN1, ANXA11, ANG, NEFH	3.72e-04
Mitochondrial intermembrane space (GO:0005758)	CHCHD10, SOD1	3.88e-03
Organelle envelope lumen (GO:0031970)	CHCHD10, SOD1	4.70e-03

Table 12: Análisis de Enriquecimiento - Funciones Moleculares (GO:MF) - Cluster 3

Término	Genes	p-value
Polyubiquitin modification-dependent protein binding (GO:0031593)	VCP, SQSTM1, OPTN, UBQLN2	1.28e-06
miRNA binding (GO:0035198)	MATR3, HNRNPA1	1.05e-03
Regulatory RNA binding (GO:0061980)	MATR3, HNRNPA1	1.86e-03

Table 13: Análisis de Enriquecimiento - Rutas KEGG - Cluster 3

Término	Genes	p-value
Amyotrophic lateral sclerosis (ALS)	NEFH, SOD1, PRPH	7.35e-05
Mitophagy	TBK1, SQSTM1, OPTN	1.52e-04
Huntington disease	DCTN1, PPARGC1A, SOD1	3.57e-03

6 Discusión

7 Conclusiones

- Abreviaciones**
- **HPO:** Human Phenotype Ontology, En español: La ontología del fenotipo humano.
  - **STRING:** Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins En español: Herramienta de búsqueda para la recuperación de genes/proteínas que interactúan
  - **OMIM:** Online Mendelian Inheritance in Man, En español: Herencia mendeliana en línea en el hombre.
  - **ORPHA:**Online Database of Rare Diseases and Orphan Drugs.
  - **ELA:** esclerosis lateral amiotrófica.

**Disponibilidad de datos y materiales**  
Puedes encontrar más información en el [repositorio de github](#)

**Contribución de los autores**  
Usando las iniciales que habéis definido al comienzo del documento, debeis indicar la contribución al proyecto en el estilo: J.E : Encargado del análisis de coexpresión con R, escritura de resultados; J.R.S : modelado de red con python y automatizado del código, escritura de métodos; ... OJO: que sea realista con los registros que hay en vuestros repositorios de github.

**Author details**  
ETSI Informática, Universidad de Málaga, Málaga, España.

**References**

1. BENDHEIM, O.L.: On the history of hoffmann’s sign. Bulletin of the Institute of the History of Medicine **5**(7), 684–686 (1937). Accessed 2024-10-01
2. Glaser, J.A., Curé, J.K., Bailey, K.L., Morrow, D.L.: Cervical spinal cord compression and the hoffmann sign. Iowa Orthop J **21**, 49–52 (2001)
3. Whitney E, M.S.: Hoffmann sign. StatPearls [Internet] (2022). 2024 Jan–
4. Echols, D.H.: The hoffmann sign. The Journal of Nervous and Mental Disease **84**(4), 427–431 (1936)
5. FAY, T., GOTTEN, H.B.: Clinical observations on the value of the hoffmann sign. The Journal of Nervous and Mental Disease **77**(6), 594–600 (1933)
6. DENNO, J.J., MEADOWS, G.R.: Early diagnosis of cervical spondylotic myelopathy: a useful clinical sign. Spine **16**(12), 1353–1355 (1991)



7. Esteves, T., Durr, A., Mundwiler, E., Loureiro, J.L., Boutry, M., Gonzalez, M.A., Gauthier, J., El-Hachimi, K.H., Depienne, C., Muriel, M.-P., Lebrigio, R.F.A., Gaussen, M., Noreau, A., Speziani, F., Dionne-Laporte, A., Deleuze, J.-F., Dion, P., Coutinho, P., Rouleau, G.A., Zuchner, S., Brice, A., Stevanin, G., Darios, F.: Loss of association of reep2 with membranes leads to hereditary spastic paraplegia. *The American Journal of Human Genetics* **94**(2), 268–277 (2014). doi:[10.1016/j.ajhg.2013.12.005](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2013.12.005). doi: 10.1016/j.ajhg.2013.12.005
8. Coutelier, M., Goizet, C., Durr, A., Habarou, F., Morais, S., Dionne-Laporte, A., Tao, F., Konop, J., Stoll, M., Charles, P., Jacoupy, M., Matusiak, R., Alonso, I., Tallaksen, C., Mairey, M., Kennerson, M., Gaussen, M., Schule, R., Janin, M., Morice-Picard, F., Durand, C.M., Depienne, C., Calvas, P., Coutinho, P., Saudubray, J.-M., Rouleau, G., Brice, A., Nicholson, G., Darios, F., Loureiro, J.L., Zuchner, S., Ottolenghi, C., Mochel, F., Stevanin, G.: Alteration of ornithine metabolism leads to dominant and recessive hereditary spastic paraplegia. *Brain* **138**(8), 2191–2205 (2015). doi:[10.1093/brain/awv143](https://doi.org/10.1093/brain/awv143)
9. Riancho, J., Gonzalo, I., Ruiz-Soto, M., Berciano, J.: ¿por qué degeneran las motoneuronas? actualización en la patogenia de la esclerosis lateral amiotrófica. *Neurología* **34**(1), 27–37 (2019). doi:[10.1016/j.nrl.2015.12.001](https://doi.org/10.1016/j.nrl.2015.12.001)
10. Pedroso, J.L., Vale, T.C., Junior, M.C.F., Kauffman, M.A., Teive, H., Barsottini, O.G.P., Munhoz, R.P.: A diagnostic approach to spastic ataxia syndromes. *The Cerebellum* **21**(6), 1073–1084 (2022). doi:[10.1007/s12311-021-01345-5](https://doi.org/10.1007/s12311-021-01345-5). Published on 2022/12/01
11. Online Mendelian Inheritance in Man, OMIM®: McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University (Baltimore, MD). <https://omim.org/>. Accessed: 3 October 2024
12. An Online Database of Rare Diseases and Orphan Drugs, O.: INSERM, US14. Available at <https://www.orpha.net/>. Accessed: 3 October 2024
13. Zhao, X., Feng, X., Li, X., Mou, J., Liu, H., Chen, J., Wu, J.: The g41d mutation in sod1-related amyotrophic lateral sclerosis exhibits phenotypic heterogeneity among individuals: A case report and literature review. *Medicine (Baltimore)* **101**(6), 28771 (2022). doi:[10.1097/MD.00000000000028771](https://doi.org/10.1097/MD.00000000000028771)
14. Sánchez-Tejerina, D., Restrepo-Vera, J.L., Rovira-Moreno, E., Codina-Sola, M., Llauredó, A., Sotoca, J., Salvado, M., Raguer, N., García-Arumí, E., Juntas-Morales, R.: An atypical presentation of upper motor neuron predominant juvenile amyotrophic lateral sclerosis associated with tarbp gene: A case report and review of the literature. *Genes (Basel)* **13**(8), 1483 (2022). doi:[10.3390/genes13081483](https://doi.org/10.3390/genes13081483)
15. Teyssou, E., Chartier, L., Amador, M.-D.-M., Lam, R., Lautrette, G., Nicol, M., Machat, S., da Barroca, S., Moigneu, C., Mairey, M., Larmonier, T., Saker, S., Dussert, C., Forlani, S., Fontaine, B., Seilhean, D., Bohl, D., Boillée, S., Meininger, V., Couratier, P., Salachas, F., Stevanin, G., Millecamps, S.: Novel UBQLN2 mutations linked to Amyotrophic Lateral Sclerosis and atypical Hereditary Spastic Paraplegia phenotype through defective HSP70-mediated proteolysis. *Neurobiology of Aging* **58**, 239–1123920 (2017). doi:[10.1016/j.neurobiolaging.2017.06.018](https://doi.org/10.1016/j.neurobiolaging.2017.06.018)
16. Mann, J.R., McKenna, E.D., Mawrie, D., Papakis, V., Alessandrini, F., Anderson, E.N., Mayers, R., Ball, H.E., Kaspi, E., Lubinski, K., Baron, D.M., Tellez, L., Landers, J.E., Pandey, U.B., Kiskinis, E.: Loss of function of the als-associated nek1 kinase disrupts microtubule homeostasis and nuclear import. *Science Advances* **9**(33), 5548 (2023). doi:[10.1126/sciadv.ad5548](https://doi.org/10.1126/sciadv.ad5548). Epub 2023 Aug 16
17. Gargano, M.A., Matentzoglou, N., Coleman, B., *et al.*: The human phenotype ontology in 2024: phenotypes around the world. *Nucleic Acids Research* **52**(D1), 1333–1346 (2024). doi:[10.1093/nar/gkad1005](https://doi.org/10.1093/nar/gkad1005)
18. Szklarczyk, D., Gable, A.L., Lyon, D., *et al.*: String v11: protein-protein association networks with increased coverage, supporting functional discovery in genome-wide experimental datasets. *Nucleic Acids Research* **47**(D1), 607–613 (2019). doi:[10.1093/nar/gky1131](https://doi.org/10.1093/nar/gky1131)
19. Chan, B.K.C.: Data analysis using r programming. In: *Advances in Experimental Medicine and Biology* vol. 1082, pp. 47–122 (2018). doi:[10.1007/978-3-319-93791-52](https://doi.org/10.1007/978-3-319-93791-52)
20. Wickham, H., *et al.*: Welcome to the tidyverse. *Journal of Open Source Software* **4**(43), 1686 (2019). doi:[10.21105/joss.01686](https://doi.org/10.21105/joss.01686). Accessed 2024-10-01
21. Huber, W., *et al.*: Orchestrating high-throughput genomic analysis with bioconductor. *Nature Methods* **12**, 115–121 (2015). doi:[10.1038/nmeth.3252](https://doi.org/10.1038/nmeth.3252). Accessed 2024-10-01
22. Csárdi, G., Nepusz, T.: The igraph software package for complex network research. *InterJournal, Complex Systems* **1695** (2006). Accessed 2024-10-01
23. Aric A. Hagberg, D.A.S., Swart, P.J.: Exploring network structure, dynamics, and function using networkx. *Proceedings of the 7th Python in Science Conference*, 11–15 (2008). Accessed 2024-10-01
24. Hunter, J.D.: Matplotlib: A 2d graphics environment. *Computing in Science & Engineering* **9**(3), 90–95 (2007). doi:[10.1109/MCSE.2007.55](https://doi.org/10.1109/MCSE.2007.55). Accessed 2024-10-01
25. Waskom, M.L.: Seaborn: Statistical data visualization. *Journal of Open Source Software* **6**(60), 3021 (2021). doi:[10.21105/joss.03021](https://doi.org/10.21105/joss.03021). Accessed 2024-10-01
26. Reitz, K., Benfield, C.: Requests: Http for humans. Python Software Foundation (2020). Accessed 2024-10-01
27. McKinney, W.: Data structures for statistical computing in python. *Proceedings of the 9th Python in Science Conference*, 51–56 (2010). Accessed 2024-10-01
28. Blondel, V.D., Guillaume, J.-L., Lambiotte, R., Lefebvre, E.: Fast unfolding of communities in large networks. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment* **2008**(10), 10008 (2008). Accessed 2024-10-01
29. Ghiassian, S.D., Menche, J., Barabási, A.-L.: A disease module detection (diamond) algorithm derived from a systematic analysis of connectivity patterns of disease proteins in the human interactome. *PLOS Computational Biology* **11**(4), 1004120 (2015). doi:[10.1371/journal.pcbi.1004120](https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1004120). Published 2015 Apr 8
30. Evangelista, J.E., Xie, Z., Marino, G.B., Nguyen, N., Clarke, D.B., Ma'ayan, A.: Enrichr-kg: bridging enrichment analysis across multiple libraries. *Nucleic Acids Research* **51**(W1), 168–179 (2023). doi:[10.1093/nar/gkad393](https://doi.org/10.1093/nar/gkad393)