1.挑选差异基因

BGI共有背景基因33002个基因，经过DEGseq分析，筛选标准：差异倍数为两倍（logFC>1或logFC<-1）以上并且Q-value≤0.001的基因，筛选为显著差异表达基因。共得到DEG 14689个。

进一步筛选：FPKM>1, 删除BGI\_novel, logFC>2或logFC<-2, Qvalue<0.001。得到HN上调的基因有373个。HN组下调的基因有774个。

2.做kegg通路分析

对上述的上下调基因进行kegg通路分析，使用方法为：BGI kegg pathway富集分析（根据 KEGG PATHWAY 注释分类，使用 R 软件中的 phyper 函数进行富集分析，计算 pvalue，然后对 pvalue 进行 FDR 校正，通常 FDR <= 0.01的功能视为显著富集。）HN组下调的基因富集结果：Qvalue小于0.05的共有79条通路，取Qvalue最小的前20个，从其中挑选出可能与本疾病相关的通路6条，提取其中的差异基因115个。HN组上调的基因富集结果：Qvalue小于0.05的共有43条通路，取Qvalue最小的前20个，从其中挑选出可能与本疾病相关的通路12条, 提取其中的差异基因61个。

3. 读上述挑出来的上下调基因分别做蛋白-蛋白相互作用分析，选取节点。