1. Shiny app介绍

在《R数据科学》中，Hardley Wickham将“交流”视为数据科学项目中非常关键的一环。与用户进行交流的一种非常有效的方法，就是将交互性与数据报告相结合。shiny就是一个用于构建web交互应用程序的R包。它是由RStudio开发的，是R中最强大最有特点的工具之一。shiny允许用户以交互方式更改运行的代码和输出的数据。使用shiny，可以快速构建数据产品原型或者进行数据分析/建模结果的动态展示

1. 介绍：rjh-Metastasis是一个基于推荐系统的数据分析软件，针对肠癌转移问题，通过将最感兴趣的基因放在首位，助于发现最有可能的标记基因。我们将此任务定义为多目标优化问题。

纳入了一个混合数据集，其中包含高通量检测、文献和图形衍生特征数据。

1. UI界面介绍：

\*\*滑块\*\*：

根据选定的目标（左侧的滑块）进行重新分级。对于每个滑块，有3个可能的位置：

-\*\*低\*\*-优化时，我们倾向于变量的低值；

-\*\*高\*\*-优化时，我们倾向于变量的高值；

-\*\*排除\*\*-该变量不用于优化，因此不会影响排名。

\*\*按钮\*\*：

-要触发重新排名，请按``排名！``按钮，一旦你对滑块和过滤器感到满意。

-``重置``按钮将所有滑块设置为其默认值。请注意，`reset``不会触发新列表的重新排序，要在重置后重新排序，只需按`rank``

\*\*结果\*\*：

作为优化的结果，我们找到了一个Pareto曲面，该曲面包含根据所选目标和优化方向的所有最优解。选择的目标越多，曲面就越大、越复杂。请注意，此曲面包含具有不同权衡的解决方案，因此曲面内的精确排名取决于用户偏好。目前，我们默认按照\*\*\*\*\*变量显示排序结果。

1. test纳入\*\*\*\*个特征

###############

- \*\*depmap\*\*

``definition:`` gene essentiality according to DepMap. \*\*NB\*\*: essentiality is used for exact filtering only, excluded from optimization).

``default radio button value:`` nonessential;

#### literature support##########

- \*\*lit\_COAD\_META\*\*

``definition:`` number of papers mentioning COAD + a candidate gene in a cancer Metastasis context

``default slider position``: high;

- \*\*lit\_ COAD\_META \_norm\*\*

``definition:`` % of papers mentioning COAD + a candidate gene in a cancer Metastasis context over all papers that mention a given gene.

``default slider position``: exclude;

- \*\*lit\_total\*\*

``definition:`` total number of papers that mention a given gene in cancer(or in COAD)

``default slider position``: exclude;

#### Knowledge Graph (KG) graph-derived

- \*\*n\_neighbours\*\*

``definition:`` number of unique neighbours connected to a node in full PPI.

``default slider position``: exclude;

- \*\*n\_edges\*\*

``definition:`` number of edges connected to a node in full PPI.

``default slider position``: exclude;

- \*\*degree\*\*（和肠癌相关的subgraph, https://ctdbase.org/）

``definition:`` node degree in PPI subgraph extracted from KG graph.

``default slider position``: exclude;

- \*\*pagerank\*\*

``definition:`` a measure of 'popularity' of a node in PPI subgraph extracted from KG. PageRank is an algorithm used to rank websites in Googleâ€™s search results. It counts the number, and quality, of links to a page which determines an estimation of how important the page is. The underlying assumption is that pages of importance are more likely to receive a higher volume of links from other pages.

``default slider position``: exclude;

- \*\*betweenness\*\*

``definition:`` betweenness centrality is a way of detecting the amount of influence a node has over the flow of information in a graph. It is often used to find nodes that serve as a bridge from one part of a graph to another. Calculated on PPI subgraph

``default slider position``: exclude;

#### Consistency in M1A修饰（待定）

- \*\*full\_screen\_M1A\*\*

``definition:``

``default slider position``: high / exclude;

#### Preclinical evidence

\*\*DNB \*\*

Data from internal TCGA RNAseq study.是否是DNB基因，

``default slider position``: high / exclude;

- \*\* TCGA \_LFC\*\*

``definition:`` log2 fold change from internal RNAseq study, where samples were meta vs NOTmeta（转移vs没有转移）;

``default slider position:`` exclude.

- \*\*TCGA\_adjpval\*\*

``definition:`` adjusted p-values associated with LFC;

``default slider position:`` exclude.