

简述： 生物医学文献是一个丰富但也是复杂的信息来源。为了帮助研究人员以网络的形式总结关于某一主题的文献，我们开发了一个用于 Cytoscape 的文献网络应用程序，它从现有的两个应用程序中汲取灵感，即 **AgilentLiteratureSearch** 和 **stringApp**。用户查询提供描述主题的摘要，并选择应该为其生成网络的有机体。然后，该应用程序通过 API 查询每周更新的预先计算文本挖掘结果数据库，以检索摘要中提到的基因列表，以及摘录中提到任何两个基因的句子。根据这些信息，**Literature network** 应用程序构建了一个 **Cytoscape** 网络，其中节点和边分别代表了基因和它们的共显。该应用程序允许用户查看支持任何边的句子，所有检索到的信息都作为出处存储在 **Cytoscape** 会话文件中。

操作：

步骤 1：文献列表

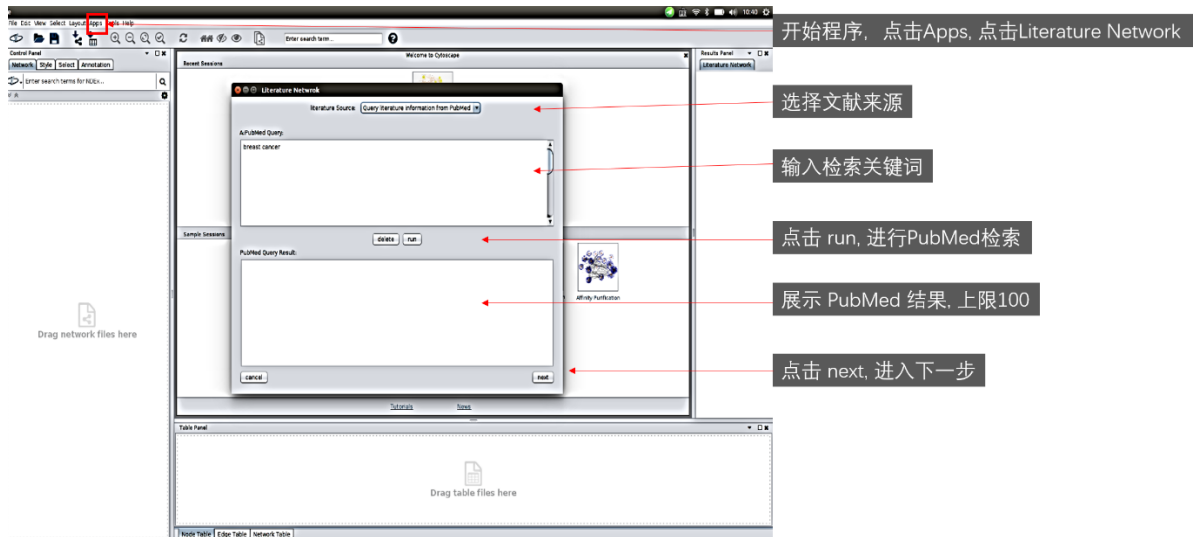
文献列表的形式为 PMID，例如：30995668

选择方式两种：1. 以主题词搜索在 PubMed 的相关文献；2，用户自己上传 PMID 列表文件或复制 PMID 列表内容到输入框

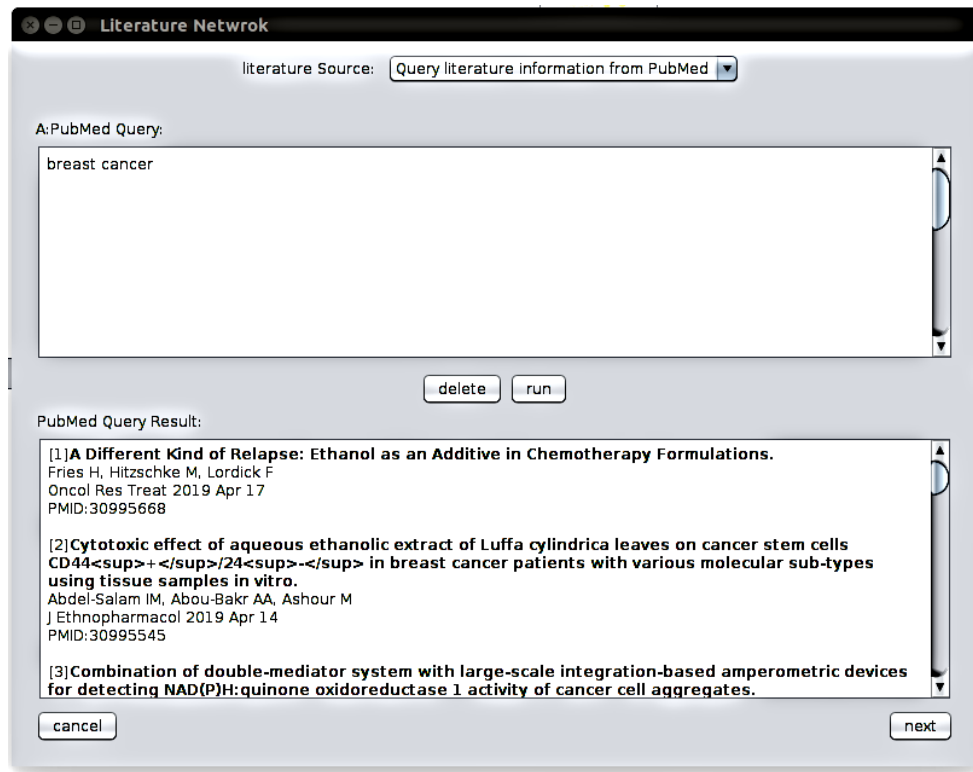
1，以主题词搜索相关文献,例如：breast cancer

输入 **breast cancer**，点击 **run** 按钮

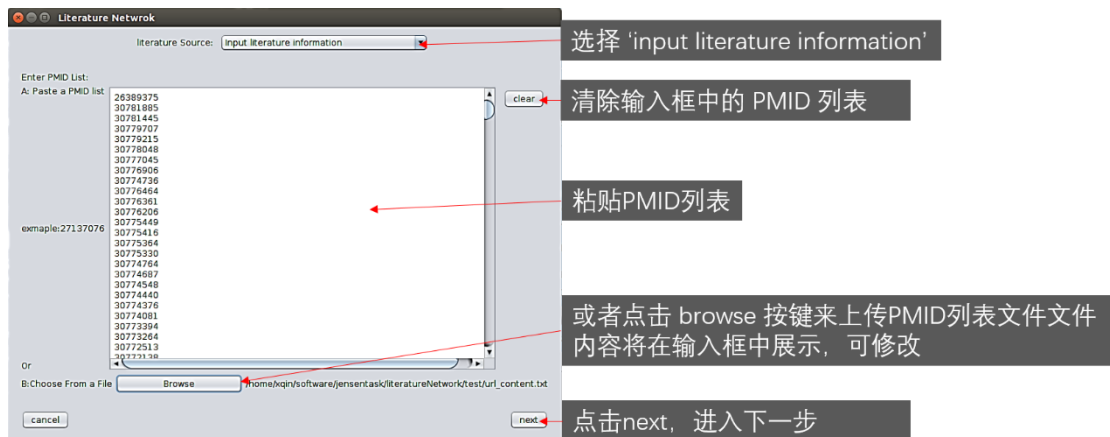
在结果框中返回上限为 100 的文献相关内容



点击 run 按键后的结果:



2, 用户自己上传 PMID 列表文件或复制 PMID 列表内容到输入框



步骤 2: 蛋白列表

蛋白列表的形式为 SpeciesID.ProteinID,例如: 9606.ENSP00000216807

在 species 框中选择物种

蛋白列表选择方式两种: 1, 在 string 中检索, 设定返回蛋白数上限 N, string 数据库中检索得到的 PMID 中排名靠前 N 的蛋白列表; 2, 用户自己上传形为 SpeciesID.ProteinID 列表文件或复制列表内容到输入框

设置蛋白物种

- 1, 在 string 中检索, 设置蛋白数, 此例中, N 为 100, 点击 run
- 2, 自行上传

选择蛋白物种

选择从String检索得到的最大蛋白数

点击run, 开始检索, 检索结果在输入框显示

清除输入框内容

以如图格式输入蛋白ID列表, 物种ID:蛋白ID

或者点击 browse 按钮来上传蛋白列表文件
文件内容将在输入框中展示, 可修改, 蛋白格式需要为物种ID:蛋白ID

点击import按钮, 构建文本网络

步骤 3: 点击 import 按钮返回文本网络

步骤 4: 支持边信息的句子展示

点击任一一边, 展示支持边的句子信息

shared name	name	id	type	id	literature network foreground	literature network background	literature network
hsa-miR-221-3p	hsa-miR-221-3p	221	miRNA	221	100	100	1.054172
CDK2	CDK2	221	protein	221	100	100	3.024944
AR	AR	221	protein	221	100	100	3.024944
MAPK1	MAPK1	221	protein	221	100	100	1.027039
EGF	EGF	221	protein	221	100	100	3.024944
CDK2	CDK2	221	protein	221	100	100	3.024944
MAPK1	MAPK1	221	protein	221	100	100	3.024944

点击网络中的边, 可显示支持边信息的句子信息, 点击句子信息所在的文本题目可跳转至本地浏览器显示 PubMed 信息, 句子中不同颜色表示两个实体在句子中的显示形式。