

说明文件

根据之前与客户沟通结果，分析如下：

——1_gene: 解析 KEGG 富集分析结果，提取客户关注的通路中的差异基因

| 2 VS 1 差异筛选-all_KEGG.txt: 富集分析中客户指定的 Pathway

| GeneID_list.txt: 上述通路中提取的 GeneID

| Genesymbol_list.txt: 上述通路中提取的 Genesymbol

以下分别利用各个数据库中的基因相互作用关系绘制网络图，各个数据库链接如下：

STRING: string-db.org

BioGRID: thebiogrid.org

KEGG: <http://www.genome.jp/kegg/>

——2_StringNetwork:

利用 STRING 网站中的蛋白蛋白相互作用关系绘制 Network

| Confidence View.png: 图上圆点表示蛋白，点点之间线越粗，相互作用的可能性越高

| Evidence View.png: 图上圆点表示蛋白，点点之间线越多，相互作用的方式越多

| PP-score.txt: 图上蛋白与蛋白之间相互作用关系的具体数值

| proteins_desc.txt: 每个蛋白的具体描述

——3_BioGRIDNetwork

利用 BioGRID 数据库中的基因相互作用关系，利用四种算法，绘制基因与基因之间的 network，每种算法生成 5 个文件。四种算法在文件名称中包含，具体说明如下：

All Possible: 文件夹 1 中基因所有可能的作用关系。

Direct: 文件夹 1 中基因与基因之间直接的联系

Indirect: 文件夹 1 中基因与基因之间通过其他基因形成间接的联系

Shortest path: 文件夹 1 中基因之间的最短作用关系

图中红色圆点表示该基因上调，蓝色圆点表示该基因下调，其他颜色圆点表示基因无差异，灰色箭头表示基因 A 与基因 B 中有关系，无方向箭头表示两组相互存在关系。

| BioGRID_tarmRNA-interactions_all possible.pdf: PDF 图片结果

| BioGRID_tarmRNA-interactions_all possible.png: png 图片结果

| BioGRID_tarmRNA-interactions_all possible.sif: 用于作图的具体关系对，可不用关注

| BioGRID_tarmRNA-interactions_all possible.txt: 基因相互作用关系

| BioGRID_tarmRNA-interactions_all possible_degrees_summary.txt: 相互作用关系结果图，其中以第一列数据降序排列，数值大小表示该基因与其他基因之间的作用关系数量。

下同

| BioGRID_tarmRNA-interactions_direct.pdf

| BioGRID_tarmRNA-interactions_direct.png

| BioGRID_tarmRNA-interactions_direct.sif

| BioGRID_tarmRNA-interactions_direct.txt

| BioGRID_tarmRNA-interactions_direct_degrees_summary.txt

| BioGRID_tarmRNA-interactions_indirect.pdf

| BioGRID_tarmRNA-interactions_indirect.png
| BioGRID_tarmRNA-interactions_indirect.sif
| BioGRID_tarmRNA-interactions_indirect.txt
| BioGRID_tarmRNA-interactions_indirect_degrees_summary.txt
| BioGRID_tarmRNA-interactions_shortest path.pdf
| BioGRID_tarmRNA-interactions_shortest path.png
| BioGRID_tarmRNA-interactions_shortest path.sif
| BioGRID_tarmRNA-interactions_shortest path.txt
| BioGRID_tarmRNA-interactions_shortest path_degrees_summary.txt

—4_KEGGNetwork

利用 KEGG 数据库中的基因相互作用关系, 利用四种算法, 绘制基因与基因之间的 network, 每种算法生成 5 个文件。四种算法在文件名称中包含, 具体说明如下:

All Possible: 文件夹 1 中基因所有可能的作用关系。

Direct: 文件夹 1 中基因与基因之间直接的联系

Indirect: 文件夹 1 中基因与基因之间通过其他基因形成间接的联系

Shortest path: 文件夹 1 中基因之间的最短作用关系

图中红色圆点表示该基因上调, 蓝色圆点表示该基因下调, 其他颜色圆点表示基因无差异, 灰色箭头表示激活, 蓝色箭头表示抑制。

KEGG_tarmRNA-interactions_all possible.pdf
KEGG_tarmRNA-interactions_all possible.png
KEGG_tarmRNA-interactions_all possible.sif
KEGG_tarmRNA-interactions_all possible.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_all possible_degrees_summary.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_direct.pdf
KEGG_tarmRNA-interactions_direct.png
KEGG_tarmRNA-interactions_direct.sif
KEGG_tarmRNA-interactions_direct.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_direct_degrees_summary.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_indirect.pdf
KEGG_tarmRNA-interactions_indirect.png
KEGG_tarmRNA-interactions_indirect.sif
KEGG_tarmRNA-interactions_indirect.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_indirect_degrees_summary.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_shortest path.pdf
KEGG_tarmRNA-interactions_shortest path.png
KEGG_tarmRNA-interactions_shortest path.sif
KEGG_tarmRNA-interactions_shortest path.txt
KEGG_tarmRNA-interactions_shortest path_degrees_summary.txt