# 使用说明

## 第一节 使用步骤

本平台提供给生物学科实验人员使用，操作上（主要是行筛选和计算过程）需要严格按照步骤执行，不能跳跃步骤，或者遗漏步骤（可选步骤除外），本平台对此也做了相关说明，同时也加入相关提示或处理来避免误操作的发生，如每一步操作执行时都会弹出一个操作中的提示框，每当一步执行完成之后都会将此步骤的标题设置成蓝色。本平台在设计初期和开发过程中，都力求保证人机交互的友好型，如加入菜单栏，允许打开本机已经保存的文件等。对于平台的整个使用步骤如下：

1. 打开运行platform界面，在Accession输入框中输入想要计算的GSE编号，如GSE11287（不需要加文件后缀），或者也可以使用菜单栏中的Filer->Open（快捷键为Ctrl+O）打开本机的GSE的txt格式文件，确认GSE编号无误后点击Submit按钮；
2. 点击Submit后，如果读取失败会有提示，本机不存在此文件会自动下载此文件，文件格式错误则报错并返回。读取成功后，会出现一个正在操作的提示框，此提示框消失后GSE的相关信息就显示在界面上了；
3. 检查所显示的信息是否有误，如果有误则点击Reset按钮重置界面，从第1步重新执行。检查无误后点选（按Ctrl可多选）SourceName和Characteristics中需要参与计算的条件，符合条件的列名会显示在Selected一栏中，如果无误则点击Next进入下一步，点击后会弹出问题提示框，提示用户再次检查信息是否正确，是则继续，否则返回；
4. 在进入筛选界面之前，会先弹出一个输入框，输入要计算的行数，此处根据实验人员硬件能力自习输入，填“0”或者“Inf”（Matlab中代表无穷）或者关闭都代表所有行都参与计算，输入后自动进入筛选界面；
5. 获取GPL数据，直接点击筛选界面上的GetGPLData即可。同样的不存在此文件会自动下载，文件格式错误会提示（请先检查GPL代号是否正确，如果有误，请关闭本界面返回上一步重新操作）；
6. 判断需要计算的矩阵是否经过了对数处理，此处输入需要判断的阈值即可，然后点击LOG按钮，具体的判断和操作在后台执行；
7. 判断矩阵是否经过正则化处理，首先需要点击BoxPlot按钮查看boxplot来决定是否要进行正则化处理，需要则点击Normalize按钮，否则略过。由于本步骤截至到本文截稿还没有此需求，所以对此没有添加实现，此步操作略过；
8. 接下来进行去低表达值、去低方差、去重复的操作，检查设置需要筛选的百分比即可，确认输入无误后，点击ScreenGene按钮，进行操作（此处需要注意，去重复的步骤由于不需要任何人物输入，所以被隐藏在筛选基因这一步。虽然界面上没有显示，但是后台会对其进行处理。）；
9. 以上每一步都执行后（即每一步的标题都已经变成蓝色，Normalize一步除外），点击NextToCal按钮进入下一步。点击后如果没有错误系统会自动弹出计算提示框；
10. 接下来是计算PCC矩阵和确认共表达模型，这步操作只需要输入相关参数（gamma，t，lambda）然后点击Run按钮运行即可；
11. 接下来是合并重叠网络并得出结果，只需要设置参数即可（beta，minClusterSize），然后点击Merge按钮即可；
12. 最后一步是将结果保存在文件中，点击SAVE按钮后，会弹出一个保存为文件的对话框，然后输入文件名称即可（不包括后缀名，自动保存为txt格式文件）。

## 第二节 其他说明

1. 平台操作过程中有两处涉及到下载文件，由于某些文件比较大，所以在使用本平台下载过程中很有可能下载失败，所以为了保证实验的顺利进行，建议用户可以选择使用下载工具自行下载相关文件，解压后拷贝到工作目录；
2. 操作结束后，建议用户关闭整个程序后再重新进行下一次实验，关闭方式建议使用主界面菜单上的File->Exit，如果是点击界面逐一关闭，建议在Matlab控制台使用close all和clear all确保变量全部被清除。
3. 对于每一步的界面与界面之间的出现错误，为了保证实验结果的正确，本平台都建议实验人员关闭整个程序，然后从实验的第一步重新开始操作。避免由于实验中有些变量由于没有清空导致实验结果无效。
4. 对于弹出的输入计算行数（TopN），这个数据在后台是在筛选过基因（即第二个部分的行筛选）以后才使用的。在此输入框输入0、Inf或者点击取消都会默认为用户想要所有符合条件的基因行都参与计算，尤其是取消操作也会默认为所有行参与计算。所以实验人员在使用过程中，必须保证实验平台的硬件和软件足够支持运算，避免实验失败。