数据集：

1. dip\_all， gavin\_all， krogan\_all， mips\_all是四个根据八种节点中心性算法算出来的结果数据。
2. Essential是正确的中心节点。

结果数据表的描述：

1. 第一列总共表示了有多少个蛋白质节点
2. 第二列是这个蛋白质的名称
3. 第3,4,5,6,7,8,9,10列分别表示了八种节点中心性方法评估之后每个节点算出来的大小。

过程：:

1. 首先根据不同的中心性评估算法对于蛋白质进行排序（其实都是从大到小排序）
2. Subgraph对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，Subgraph得出的值越大，节点中心值越大。
3. Degree对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，degree得出的值越大，节点中心值越大。
4. Eigenvector对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，Eigenvector得出的值越大，节点中心值越大。
5. Information对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，Information得出的值越大，节点中心值越大。
6. LAC对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，LAC得出的值越大，节点中心值越大。
7. Betweenness对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，Betweenness得出的值越大，节点中心值越大。
8. Closeness对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，Closeness得出的值越大，节点中心值越大。
9. Network对蛋白质数据按照从大到小的顺序排序，degree得出的值越大，节点中心值越大。
10. 此时将我们找的中心节点排序top节点和essential里面的正确的中心节点相比较，看不同的算法分别能找出来多少个正确的中心节点。

（设置10组top。top=100，top=200，top=300,top=400,top=500,top=600,top=700,

top=800,top=900,top=1000）

最后我想要得到的就是10组top的情况下，每种方法分别能找到的正确中心节点的个数。

* 举一个例子相当于：比如DIP数据集一共5093个蛋白质，然后每种方法对每个节点都计算出一个score，之后每种方法都把5093个蛋白质排序，之后取出每种方法的top100, 跟essential比较一下有多少一样的，就是预测对的。再比如这个图a,b,c,d,e,f分别为top100,200——top600的结果，就是每种方法中排名前一百的，预测对多少~~每种方法中排名前二百的，预测对多少~~以此类推

如果我的说话阙建明能够理解的话，那大概就可以生成类似这样的图啦（当然这个图不用画啦，我最后和我得出来的结果一起画。）

