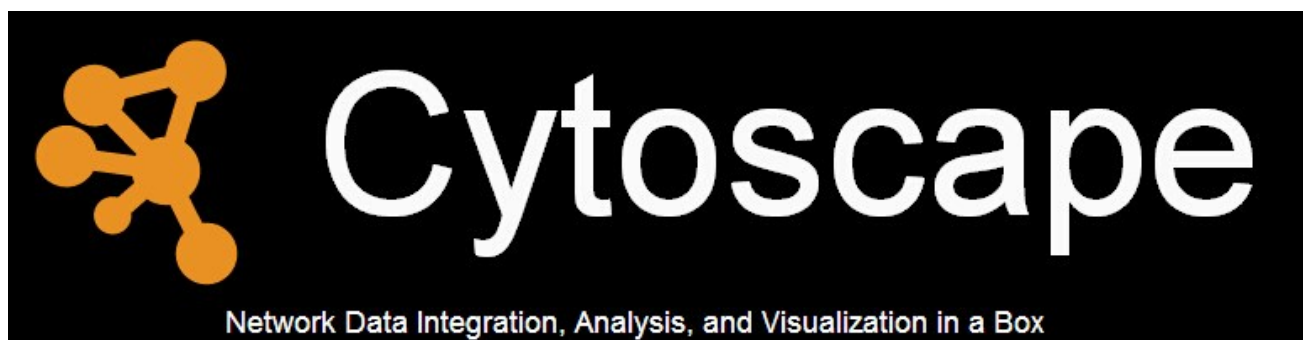


Cytoscape Quick Start



Cytoscape Quick Start

1. 安装 Java Runtime Environment (JRE)

需要Java 7或更高的版本

推荐使用 64 bit Java Runtime Environment (JRE)

最新版下载地址：

<http://www.oracle.com/technetwork/java/javase/downloads/index.html>

2. 安装 Cytoscape 3.X

下载地址：

<http://www.cytoscape.org/download.html>

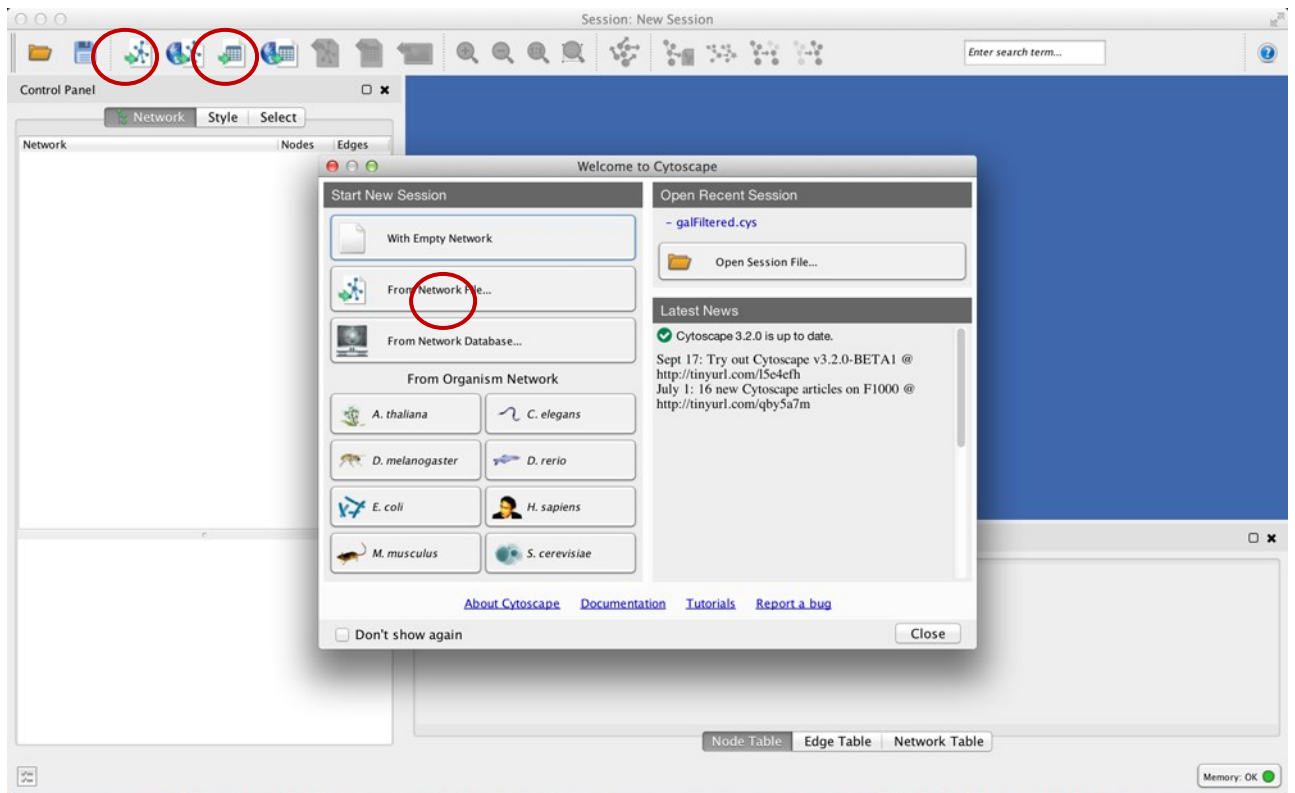
结果说明

互作网络中节点(node)：即相互作用的一个蛋白

节点的度 (degree)：表示与此蛋白相互作用的蛋白的个数，度的大小与此节点的核心性 (BetweennessCentrality) 成正比，即依赖此节点的通路越多，它的核心性越大，度也就越大。

节点的边 (edge)：连接两个节点的线，代表了节点与节点的相互作用。

3. 打开 Cytoscape 软件，界面如下，根据下图所画圆圈部分，三种方法导入互作文件数据（本例为: *arabidopsis.ppi.txt* 为本公司提供的一种数据形式）：



File → Import → Network → File (Text/MS Excel) 会弹出导入文件的对话框，在对话框中做设置如下：

- (1) Network Collection: 选择数据输入目的，构建新网络选择 Create new network collection
- (2) Source interaction: column 1 选择互动初始节点列
- (3) Target interaction: column 2 选择互动目标节点列
- (4) Interaction Type: 不用选择，默认为PP (蛋白蛋白相互作用)
- (5) 单击其他要输入的列，蓝色的列可用于表征边的属性。
- (6) 勾选Advanced，把Column Names 的勾去掉，如下图中红箭头所示，这样就不会把第一行当成表头
- (7) 单击 OK

Import Network From Table

Select a Network Collection

Network Collection: Create new network collection

Node Identifier Mapping Column: shared name

Interaction Definition

Source Interaction: Column 1

Interaction Type: Default Interaction

Target Interaction: Column 2

Columns in BLUE will be loaded as EDGE ATTRIBUTES.

Advanced

☒ Show Text File Import Options

Text File Import Options

Delimiter: ☒ Tab ☐ Comma ☐ Semicolon ☒ Space ☐ Other

Preview Options

☐ Show all entries in the file ☒ Show first 100 entries.

Column Names

☐ Transfer first line as column names Start Import Row: 1 Comment Line:

Network Import Options

Default Interaction: pp

Refresh Preview

Preview

Text File

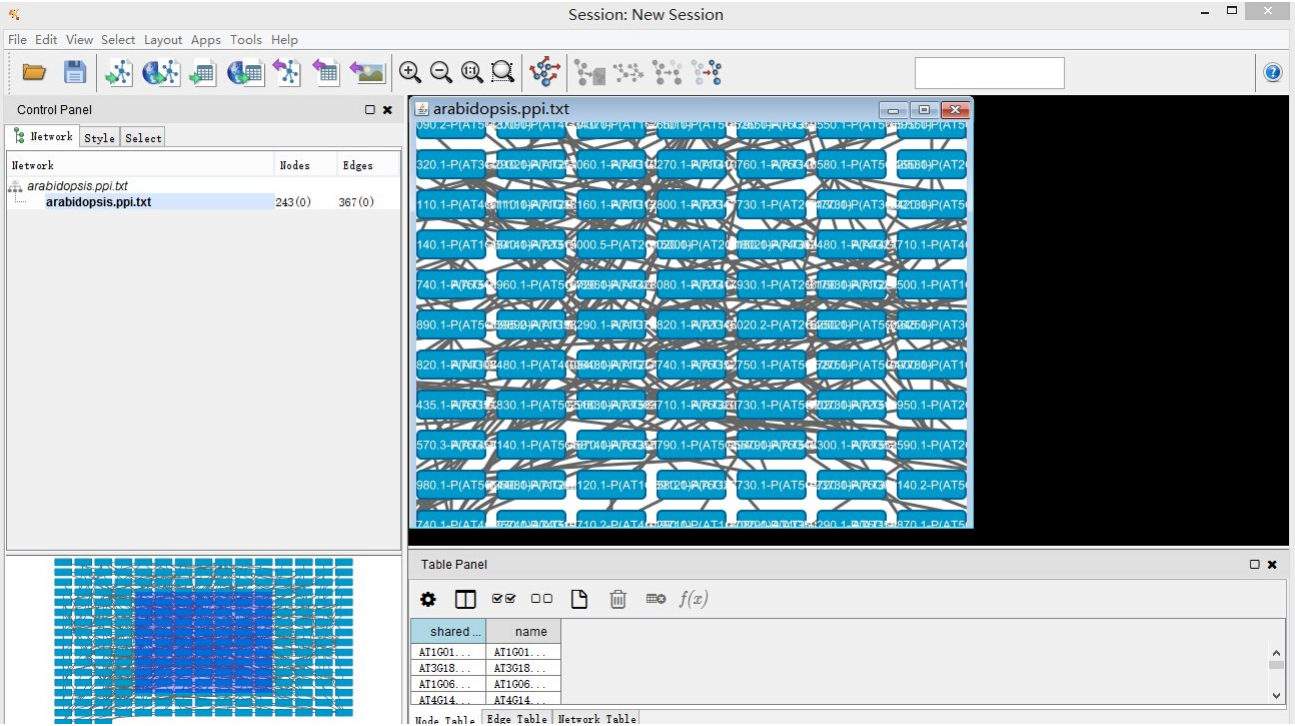
Left Click: Enable/Disable Column, Right Click: Edit Column

Column 1	Column 2	Column 3
AT1G01790.1-P(AT1G01790)	AT3G18890.1-P(AT3G18890)	740
AT1G06290.1-P(AT1G06290)	AT4G14070.1-P(AT4G14070)	899
AT1G06430.1-P(AT1G06430)	AT3G07700.1-P(AT3G07700)	831

OK Cancel

导入数据后，会出现如下图的界面：

包括菜单栏和快捷菜单栏、控制面板（Control Panel，可对网络进行个性化操作），网络窗口（一个框代表一个节点，边用于连接相互作用的节点），表格面板（Table Panel，显示节点和边的信息）

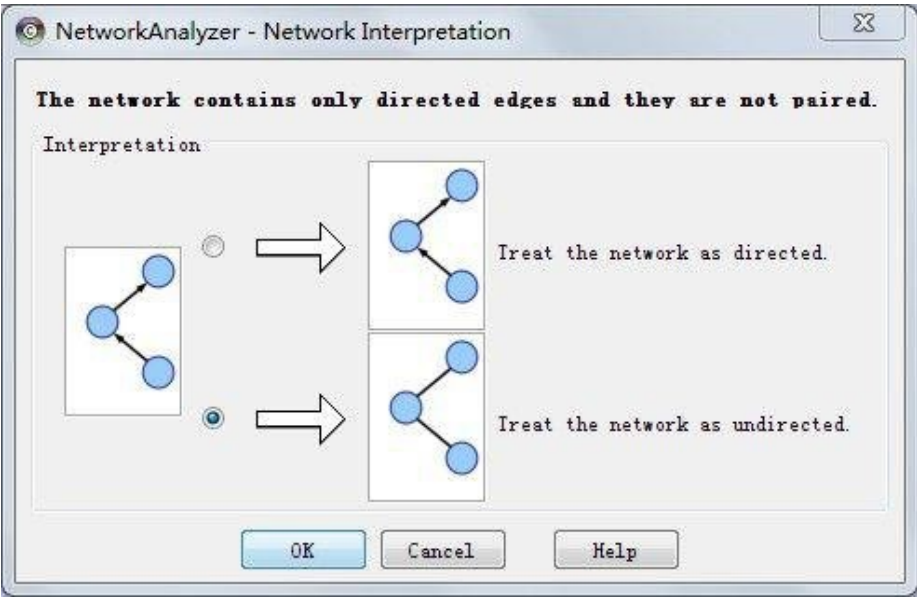


4. 计算网络相关数据

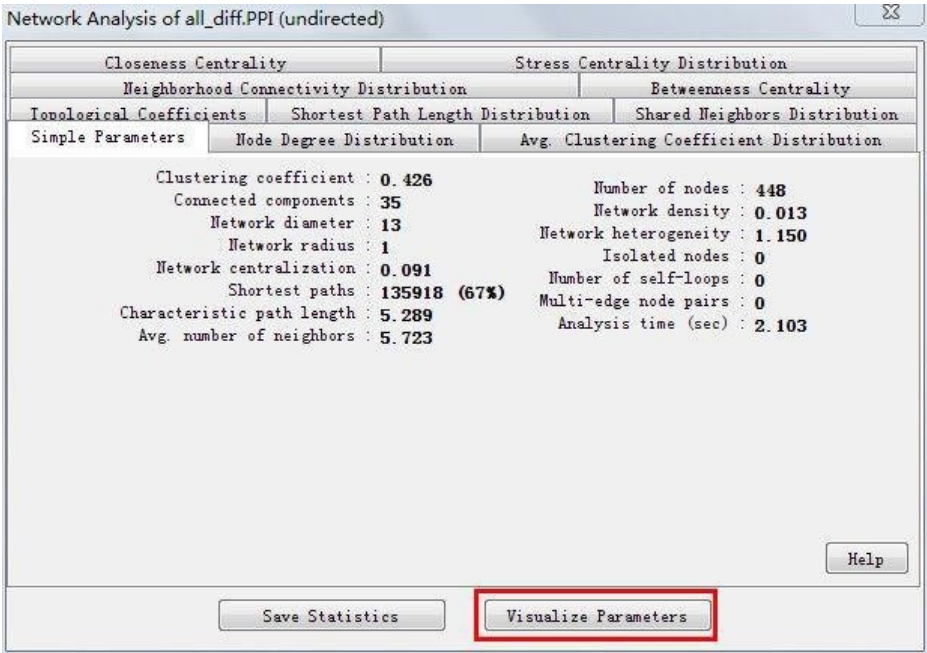
在基本绘图完成后，可通过计算网络中相关数据，比如计算节点的度（degree）等各种信息，用于后面完善绘图。（这一步计算对绘图很重要）

操作如下：

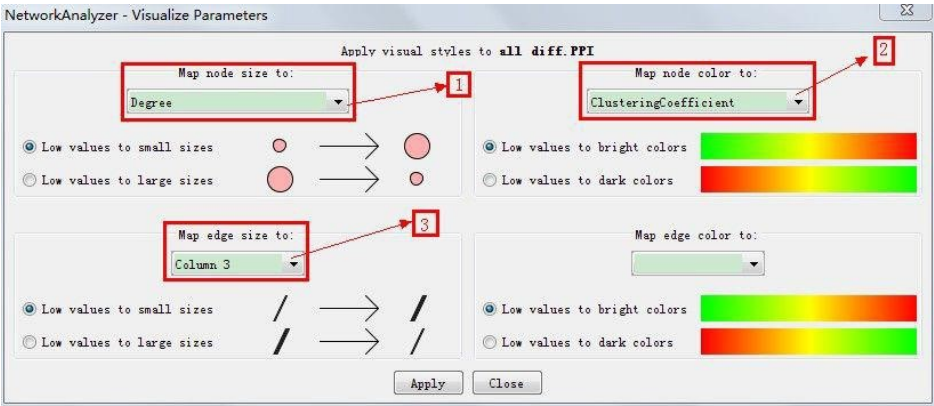
（1）Tools ——> Network Analyzer ——> Network Analysis——> Analyze Network，弹出窗口如下图：



（2）如上图所选，Treat the network as undirected ——> OK，会弹出窗口如下图：

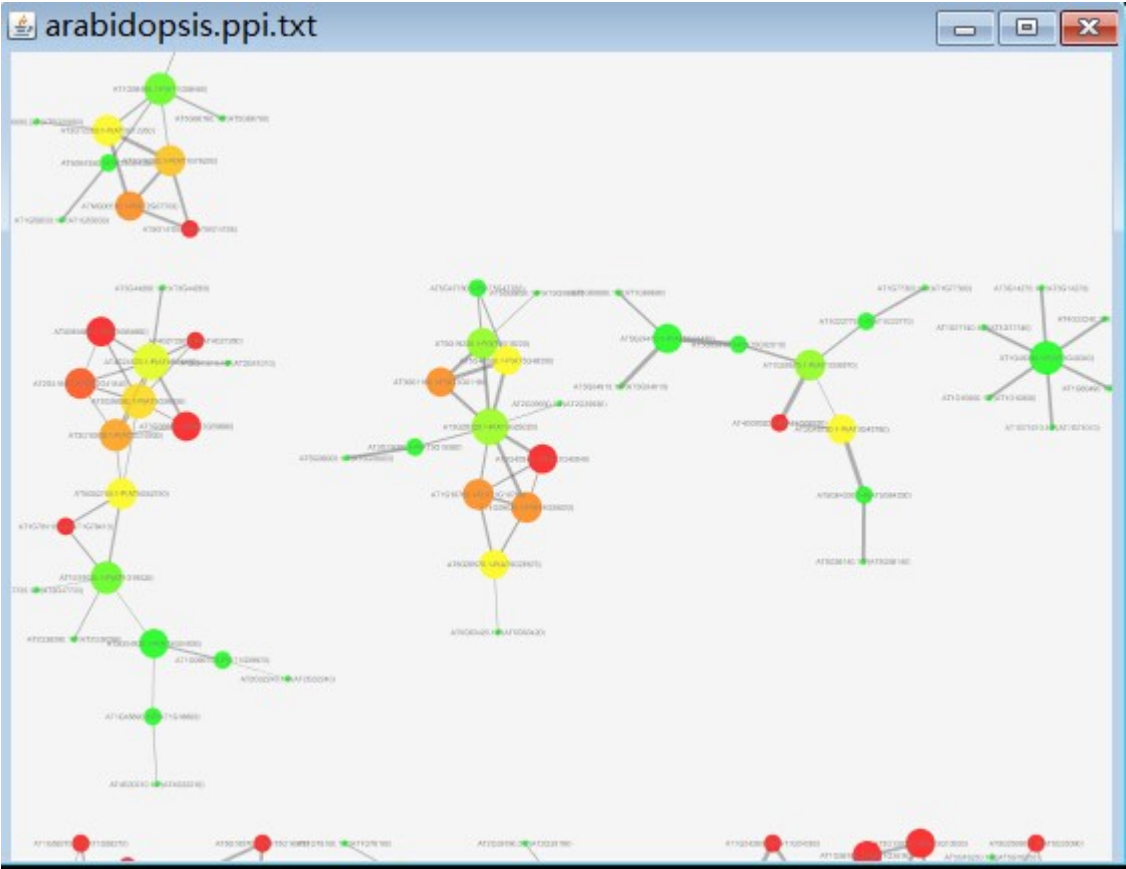


(3) 如上图 , 点击 **Visualize Parameters** (用户也可了解网络的其他属性 , 如 **Node Degree Distribution** 等 , 具体信息和意义可以参考 **cytoscape** 的在线帮助或联机帮助) , 弹出如下图 :



a. Map node size to: degree; b. Map node color to: Clustering Coefficient; c. Map edge size to: Column3(导入数据的第三列)

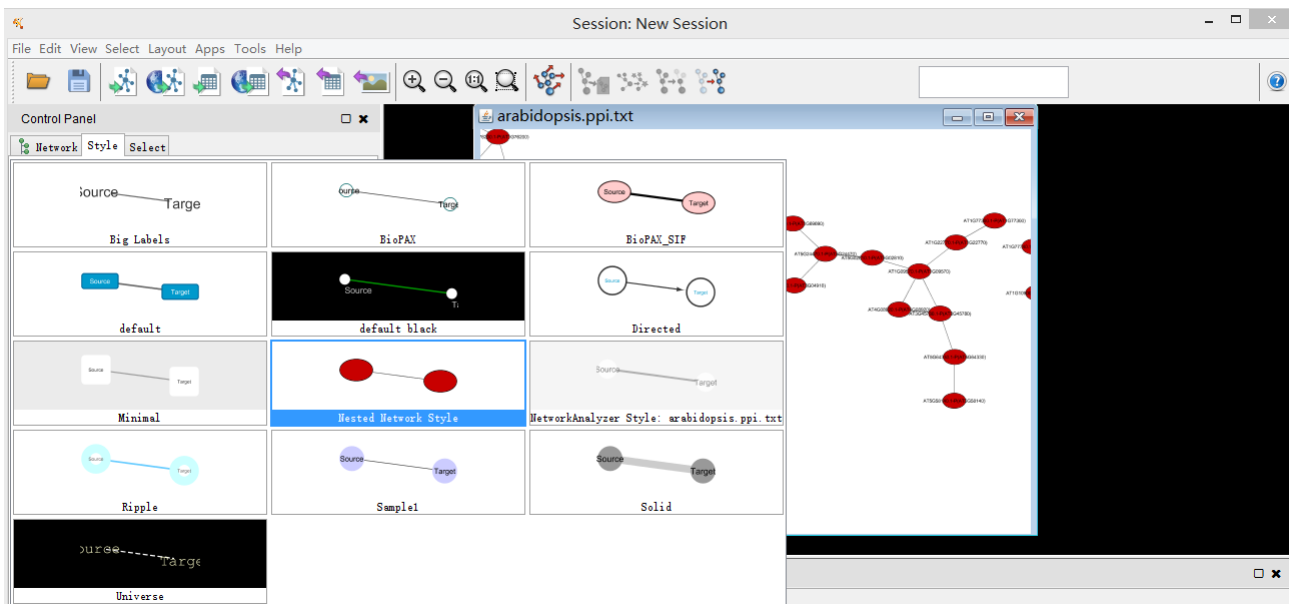
得到如下图



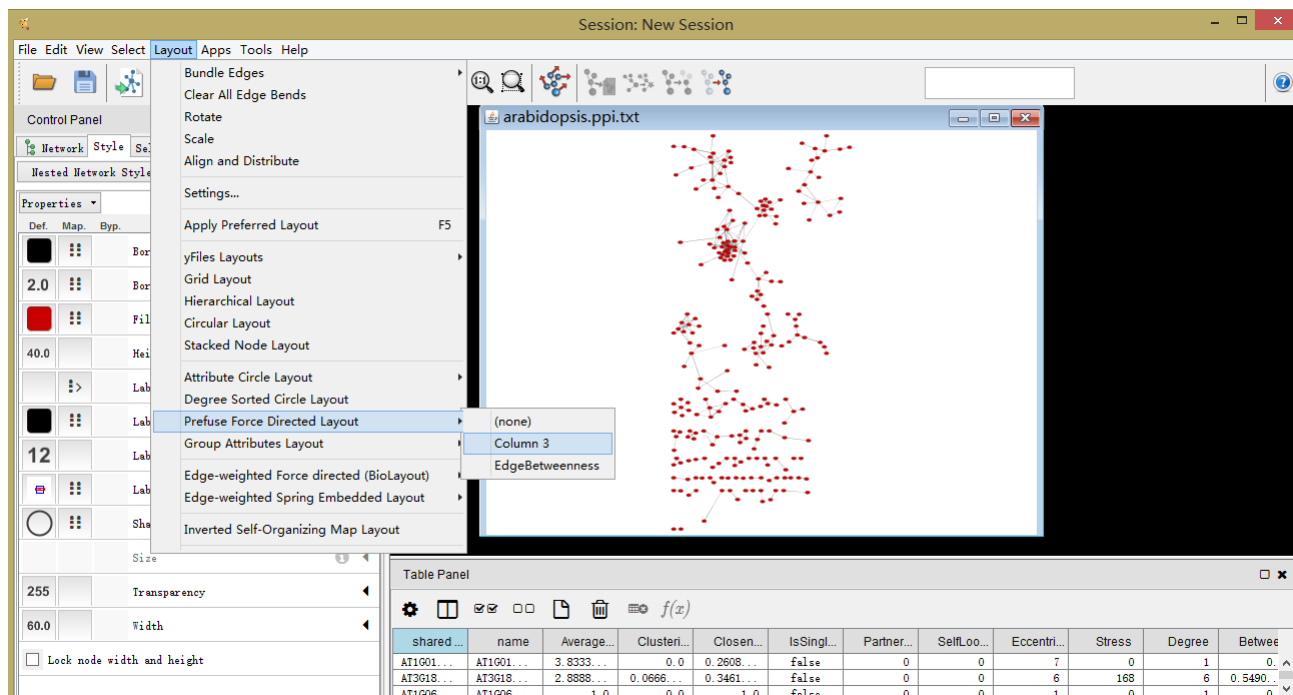
至此 , 整个网络图已经绘制完成。

下面是对网络的一些个性化的操作

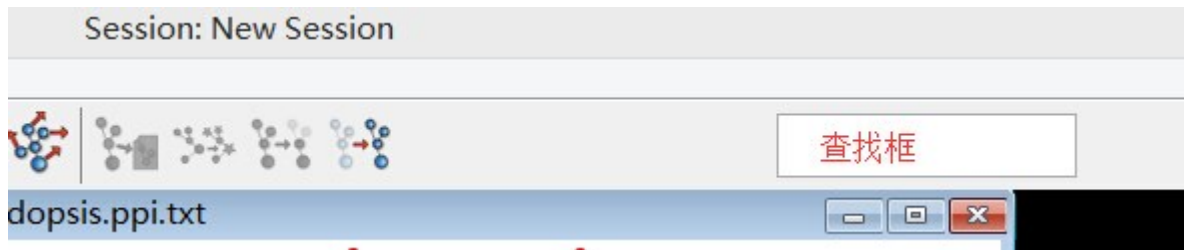
(1) 软件自带了各种预设好的style，在Control Panel的style选项中，在第一个下拉菜单中选择自己爱好的样式，如下图所示



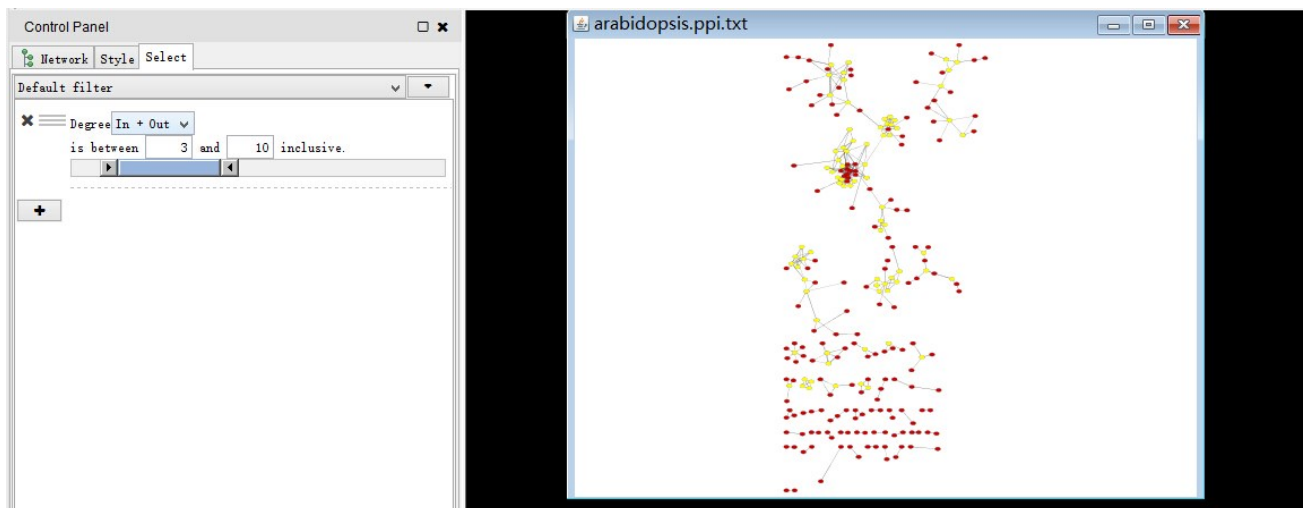
(2) 可在菜单 Layout ——> 选择网络不同的布局，如下图选择



(3) 如果查找某个节点，只需要在快捷菜单栏中的查找框中输入相应节点的名称即可；如果需要查找包含某个字符的一类节点，如包含R字符的节点，在查找框中输入R*即可把含有R字符的节点选中。



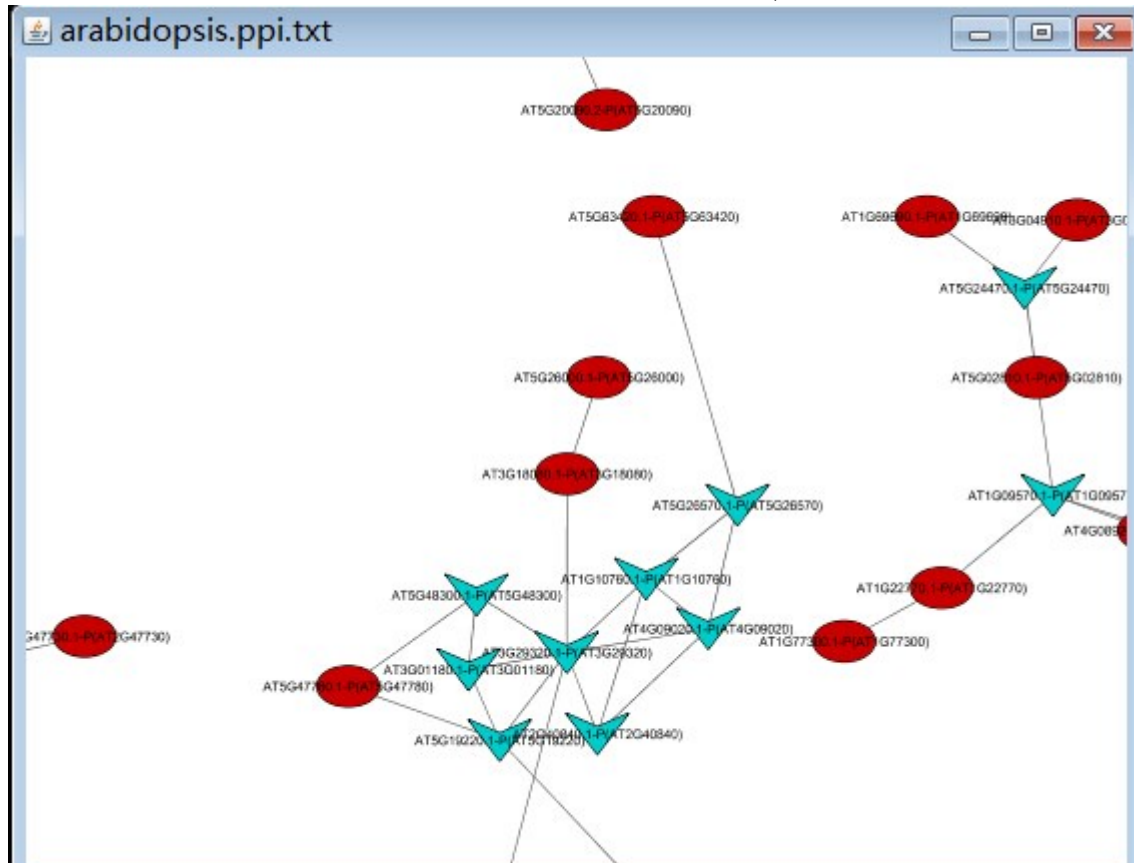
如果需要根据条件查找，比如挑选degree在某个范围之间的节点，可以在Control Panel的Select选项中增加查找条件（Degree Filter），如下图查找degree在3到10之间，符合条件的节点将会黄色显示出来。客户还可以根据自己的需要按其他可选的条件（Column Filter, Topology Filter）进行查找。



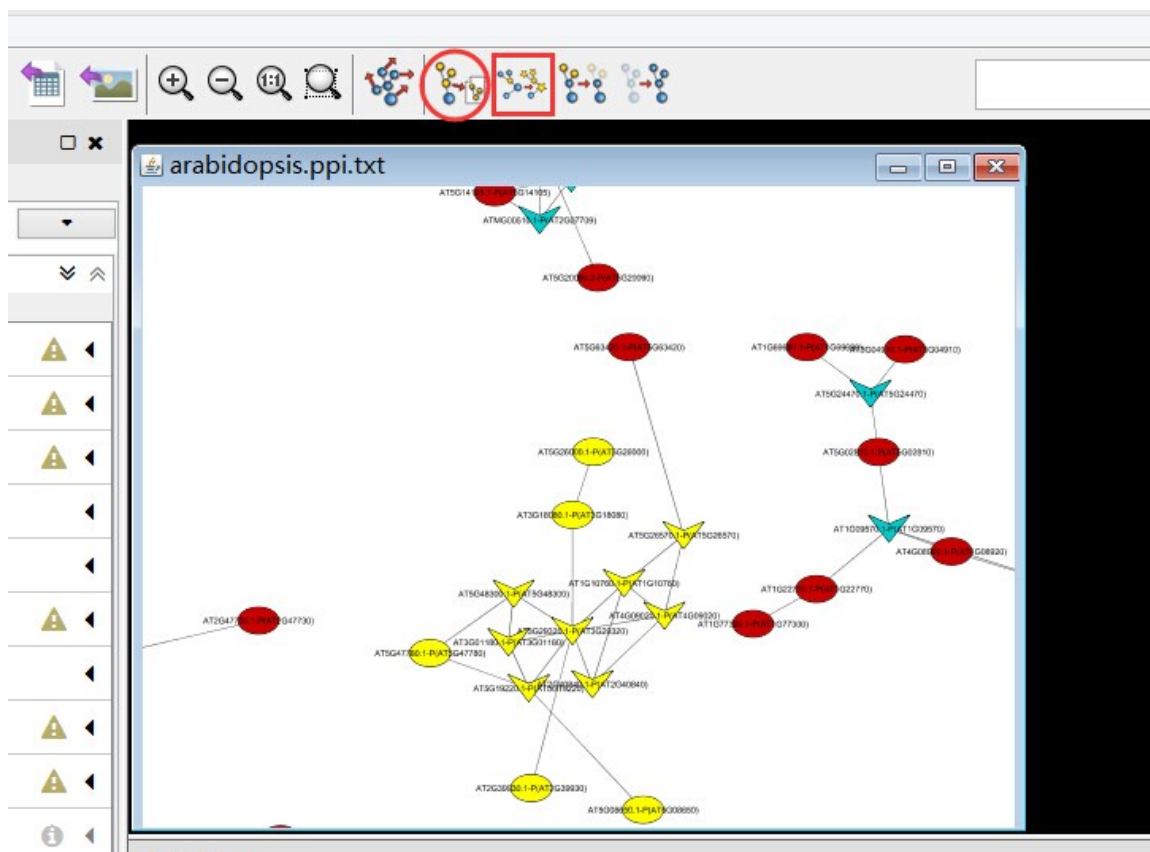
(4) 可对(3)中选择出来的节点进行个性化的调整,比如填充特定的颜色,用不同的形状等来突出。

这些个性化的操作都在Control Panel的style 选项中，

- I. 在软件左侧 **Control Panel** 上部标签中选择 **Style**，下部标签选择 **Node**
- II. 选择 **Fill Color**第三个框（**ByP.**），弹出颜色选择窗口，需找喜好的颜色，之前选择的那些节点就会标上选择的颜色。同理改变**Shape**。效果如下图



(5) 客户有时候觉得整个网络太大，无法查看某个节点的网络，有一个精简网络的办法，选中自己关心的某个节点之后，选择如下图红框标出的按钮，和这个节点有直接相互作用的节点即被选择，再按一次按钮，和相互作用节点相互作用的节点就被选中，不断重复操作，网络就会越来越大，需要多大的网络，客户根据需要决定。下图黄色标的节点，即为选中的部分，再按图中红圆圈的按钮，选中的节点就会生成一个新的网络图。



(6) 我们还可以添加其他一些属性来描述节点，比如根据节点基因表达量多少用不同的颜色绘制节点，通过File → Import → Table → File 基因表达量文件，（文件如下图，网络文件节点名字需要和Table文件中的基因名字一致）

Gene_id	readcount_A	readcount_B	log2FoldChange	pval	padj
AT1G01790.1-P(AT1G01790)	213.38654885045	647.385641289662	-1.6012	1.136e-05	0.0051073
AT1G06290.1-P(AT1G06290)	122.467846213192	284.32227174004	-1.2151	0.0014656	0.03788
AT1G06430.1-P(AT1G06430)	212.152874601591	505.460284097919	-1.2525	0.0019822	0.043522
AT1G06430.1-P(AT1G06430)	212.152874601591	505.460284097919	-1.2525	0.0019822	0.043522
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918789	-1.3344	0.00026691	0.01828
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918789	-1.3344	0.00026691	0.01828
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918789	-1.3344	0.00026691	0.01828
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237075	1.3773	0.0026529	0.049607
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237075	1.3773	0.0026529	0.049607
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237075	1.3773	0.0026529	0.049607
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237075	1.3773	0.0026529	0.049607
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237075	1.3773	0.0026529	0.049607
AT1G08520.1-P(AT1G08520)	756.588798079619	1904.19879997987	-1.3316	0.0023767	0.046992
AT1G08520.1-P(AT1G08520)	756.588798079619	1904.19879997987	-1.3316	0.0023767	0.046992
AT1G08540.1-P(AT1G08540)	196.104165812351	486.847280953391	-1.3118	0.00034628	0.020583
AT1G08540.1-P(AT1G08540)	196.104165812351	486.847280953391	-1.3118	0.00034628	0.020583
AT1G08540.1-P(AT1G08540)	196.104165812351	486.847280953391	-1.3118	0.00034628	0.020583
AT1G08880.1-P(AT1G08880)	2244.23452018473	1002.09458208063	1.1632	0.0017101	0.040616
AT1G09570.1-P(AT1G09570)	121.999194372863	361.075612490787	-1.5654	8.9876e-05	0.010866
AT1G09570.1-P(AT1G09570)	121.999194372863	361.075612490787	-1.5654	8.9876e-05	0.010866

弹出导入文件的对话框，在对话框中做设置如 下图红框所示：

Network Collection: 表示把数据导入到对应的网络

Key Column for Network: 选择shared name 表示通过名字来识别将属性加入到对应的节点

Import Data as: 选择 Node Table Column 表示把数据赋予节点

Gene_id 默认勾选，后面的列根据自己的需要进行相应的勾选。在此把A,B两个样品的readcount数据勾选，即把readcount数据赋予了节点。

Import Columns From Table

Target Table Data

Where to Import Table Data: To a Network Collection

Select a Network Collection:

Network Collection: arabidopsis.ppi.txt

Key Column for Network: shared name

Importing Type:

Import Data as: Node Table Columns

Advanced

☐ Show Mapping Options ☐ Show Text File Import Options ☒ Case Sensitive

Preview

Text File Left Click: Enable/Disable Column, Right Click: Edit Column

newTable

✓ Gene_id	✓ readcount_A	✓ readcount_B
AT1G01790.1-P(AT1G01790)	213.38654885045	647.385641289
AT1G06290.1-P(AT1G06290)	122.467846213192	284.322271740
AT1G06430.1-P(AT1G06430)	212.152874601591	505.460284097
AT1G06430.1-P(AT1G06430)	212.152874601591	505.460284097
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918
AT1G07110.1-P(AT1G07110)	197.930581197613	499.138003918
AT1G08480.1-P(AT1G08480)	1682.94761708696	647.818656237

File Size: Unknown

OK Cancel

5. 命令行使用



```
usage: cytoscape.{sh|bat} [OPTIONS]
-h,--help          Print this message.
-v,--version        Print the version number.
-s,--session <file> Load a cytoscape session (.cys) file.
-N,--network <file> Load a network file (any format). 交互信息读取
-P,--props <file>   Load cytoscape properties file (Java properties
                    format) or individual property: -P name=value.
-V,--vizmap <file>  Load vizmap properties file (Cytoscape VizMap
                    format). 网络格式读取

-S,--script <file>  Execute commands from script file.
-R,--rest <port>    Start a rest service.
```