

差异基因蛋白互作网络分析

参考手册 (http://wiki.cytoscape.org/Cytoscape_3/UserManual#)

1 安装并打开 Cytoscape_v3.4.0

1.1 Java 安装

Cytoscape 的使用需要依赖 Java 环境，Cytoscape 3.4.0 使用 Java8，不再支持 Java6 和 Java7。如果计算机上还没有安装 Java，或者当前使用版本较低，需要重新下载安装 Java8。下载地址为

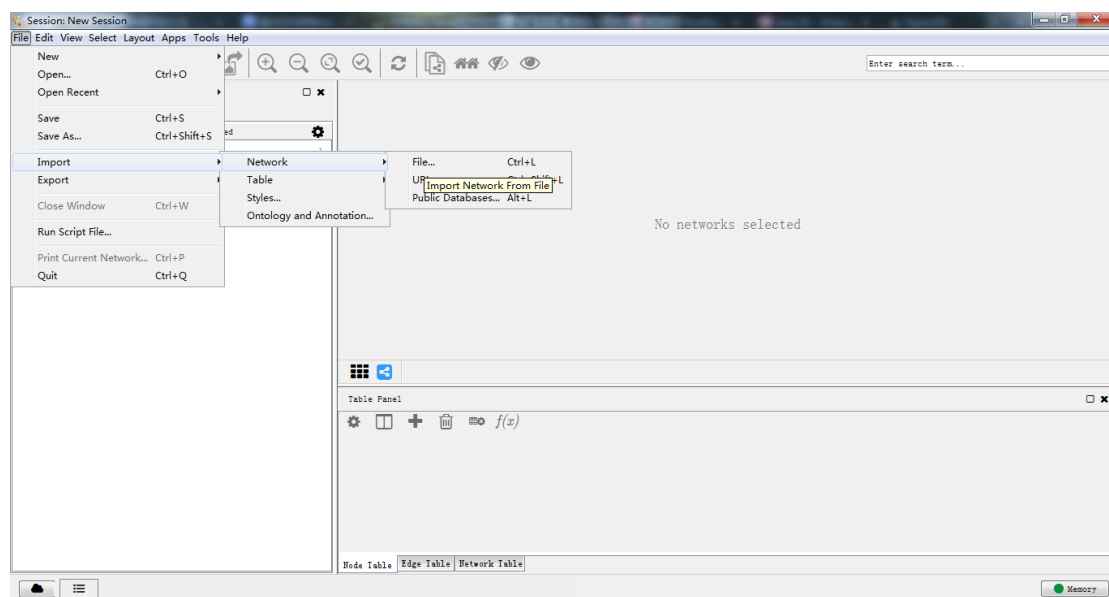
(<http://www.oracle.com/technetwork/java/javase/downloads/index.html>)，不同操作系统选择相应的 Java 版本下载安装。

1.2 Cytoscape 安装

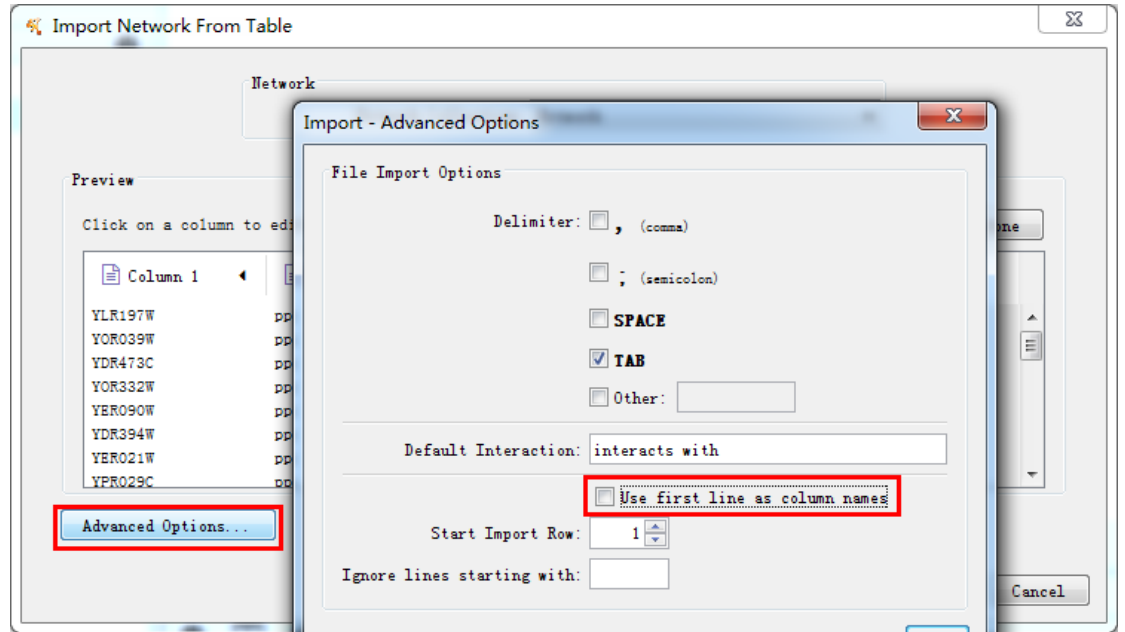
Cytoscape 同样有适用于不同操作平台的版本，安装方法不尽相同。所有的版本都可以从 <http://cytoscape.org/> 网站下载。Windows 系统下双击 EXE 应用程序开始安装；Linux 和 Mac OS X 系统运行 sh 文件安装。

2 导入蛋白质互作网络数据库中参考物种的蛋白互作网络，网络文件格式包括：TXT、SIF、GML、XGMML 等，在 Cytoscape 安装目录下有 SampleData，是部分网络文件的示例。

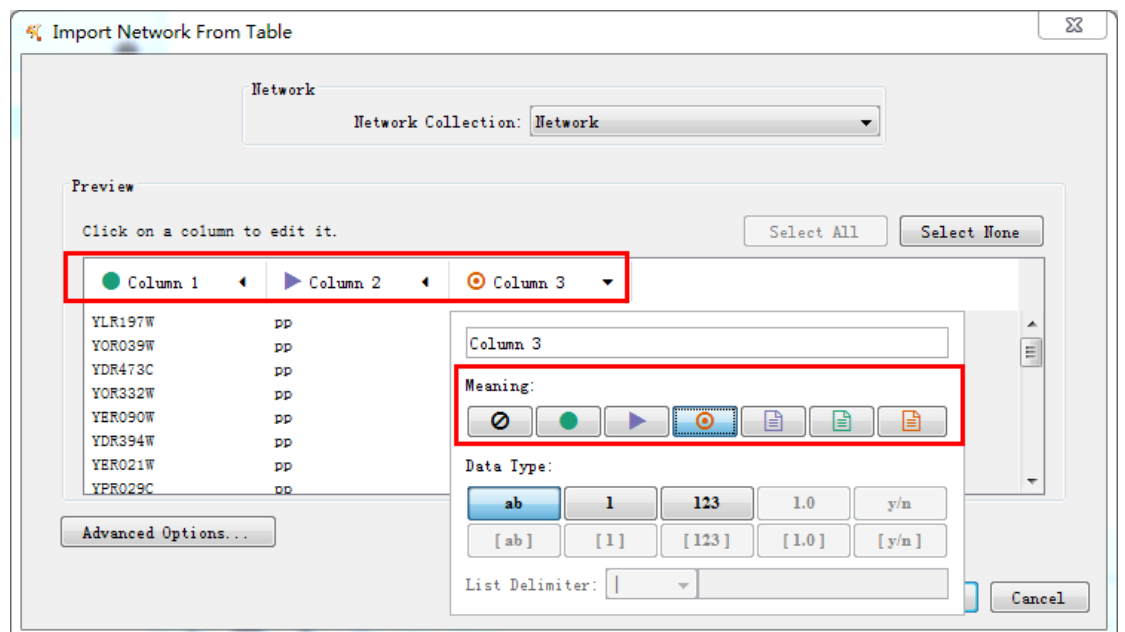
2.1 本地导入参考物种的蛋白互作网络



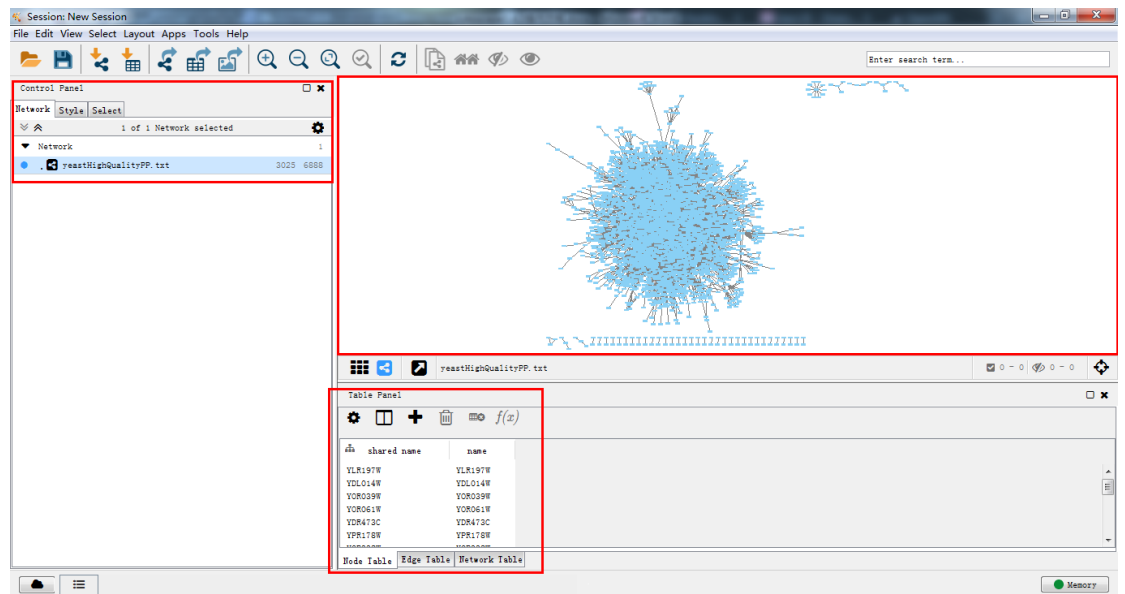
Cytoscape 默认将文件第一行作为列名。如果文件第一行是基因，在导入网络时要在 Advanced Options 中取消用第一行作为列名。



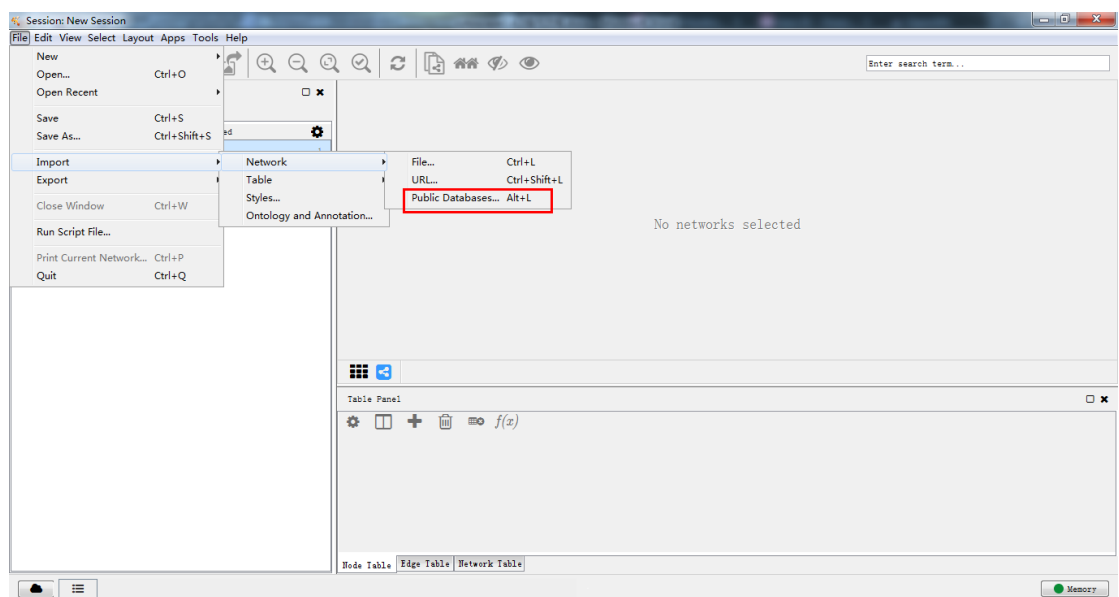
然后选择每一列数据的属性，包括 Source Node、Interaction Type、Target Node、Edge Attribution、Source Attribution、Target Attribution 等，同时对应不同颜色和图标的标记。



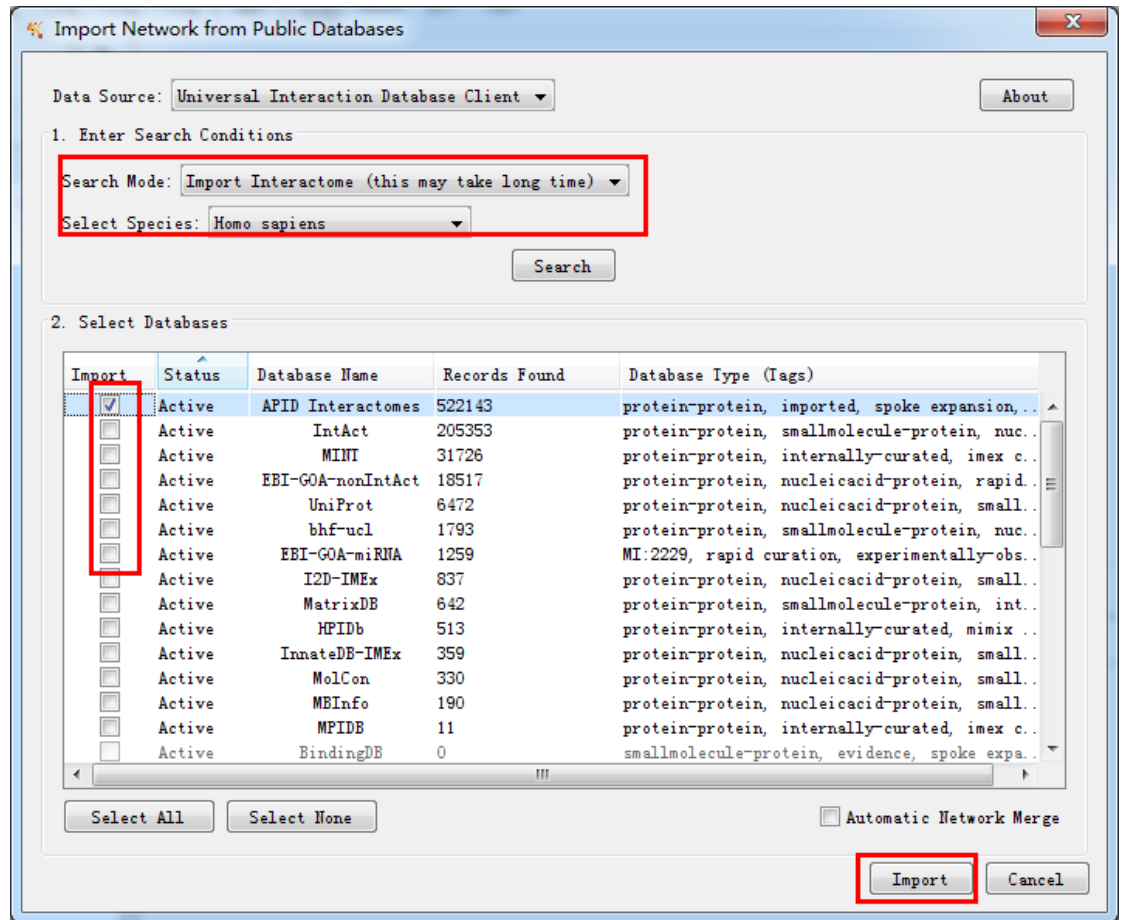
导入后，右上部窗口内展示蛋白互作网络图，右下部为网络图的相关节点(Node)及边(Edge)的数据信息。左侧为导入的网络目录和网络属性(Style)设置菜单。



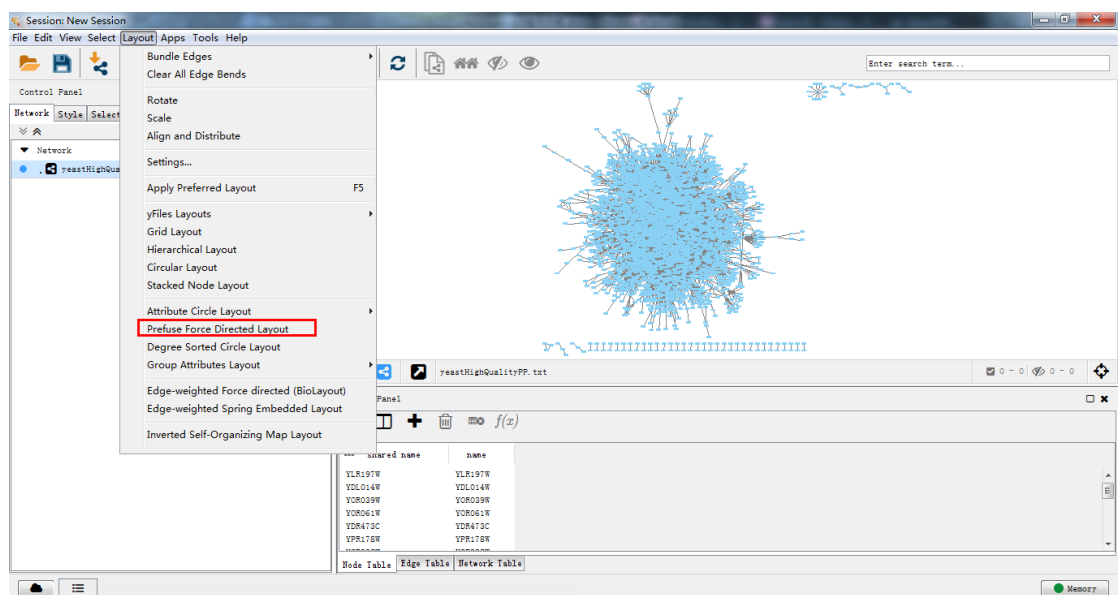
2.2 从公共数据库中获得参考物种的蛋白互作网络



例如要导入某个物种的蛋白质互作网络：选择物种和想要查看的数据库，搜索包含该物种蛋白互作网络的数据库，导入数据（时间稍长）。

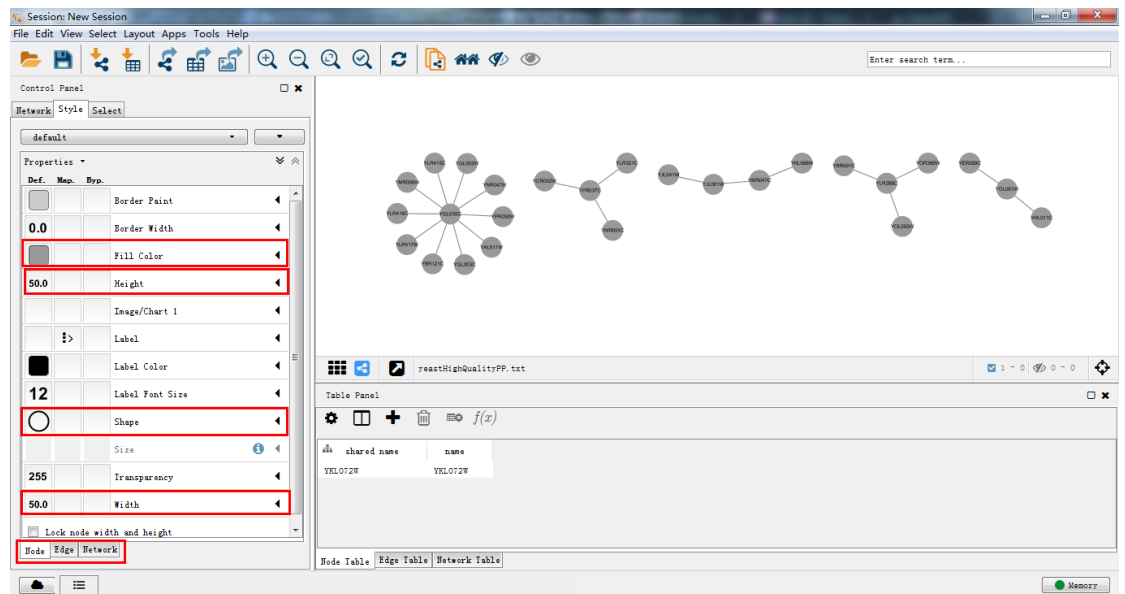


- 3 在 Layout 选项下可以选择方便观测的布局（默认导入的布局方式为 Perforce Force Directed Layout）

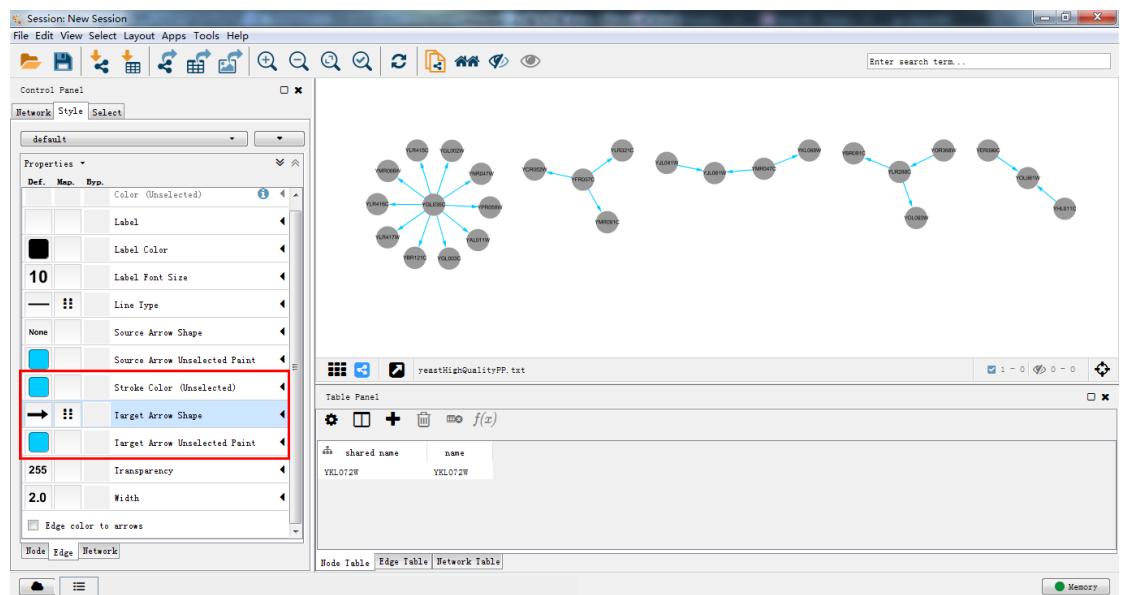


- 4 设置网络节点和边的风格 (Style)

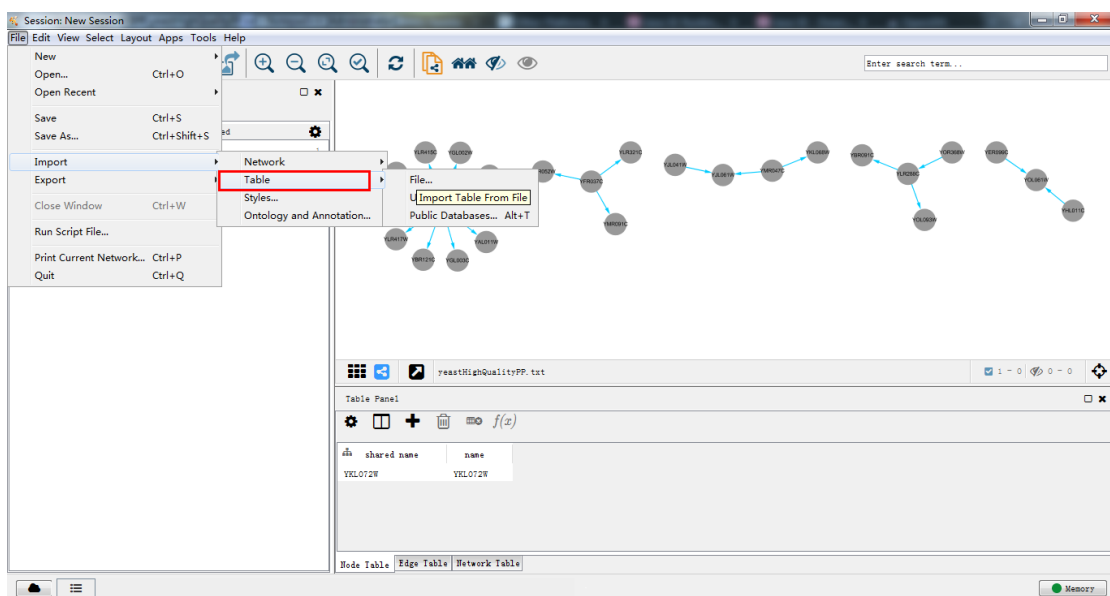
- 4.1 在 Style 选项卡下 Node 设置中对点的形状、颜色、大小等进行设置。例如：选择 Shape 为圆形、Fill Color 为灰色、节点的高度 (Height) 和宽度 (Width) 为 50.0。



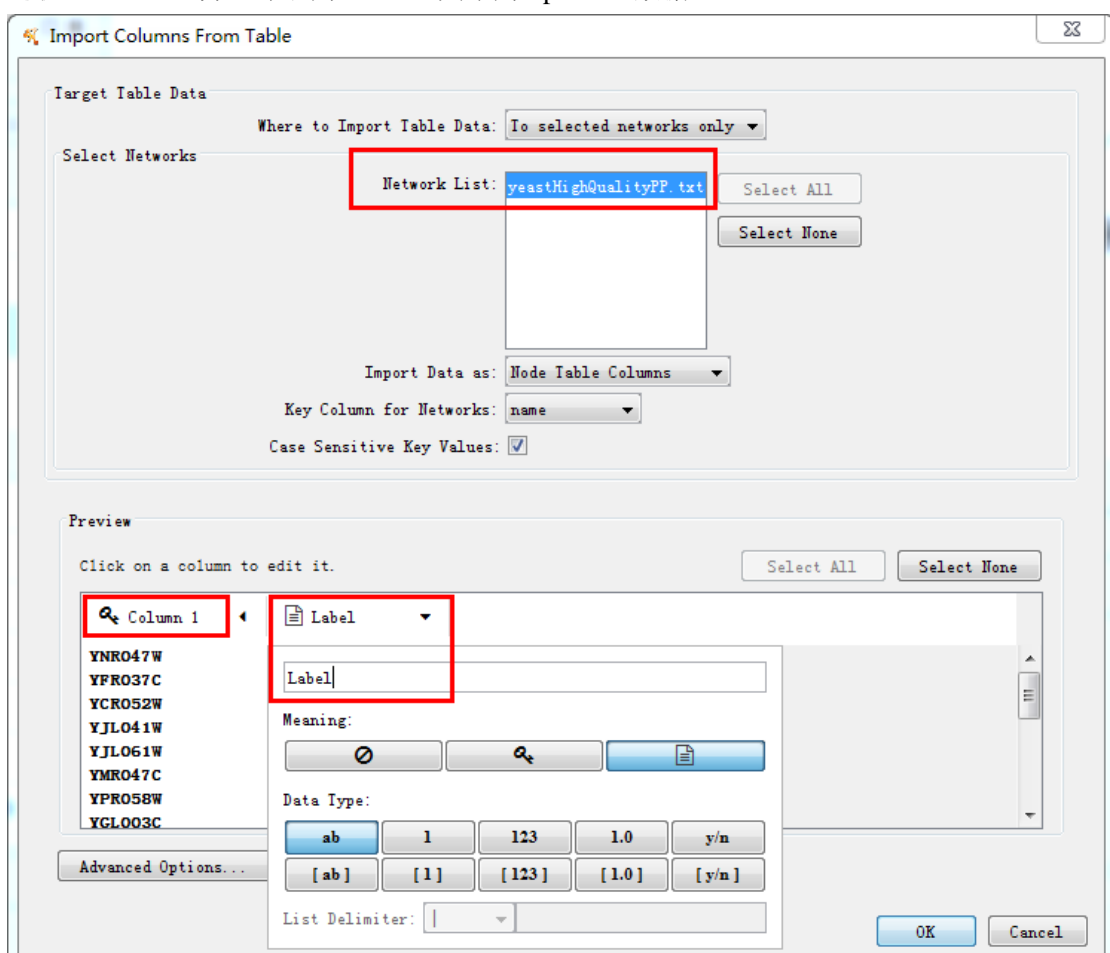
4.2 在 Style 选项卡下 Edge 设置中对边的形状、颜色、大小等进行设置。例如，将连线的颜色设置为蓝色，同时设置到 Target 方向的箭头同样为蓝色



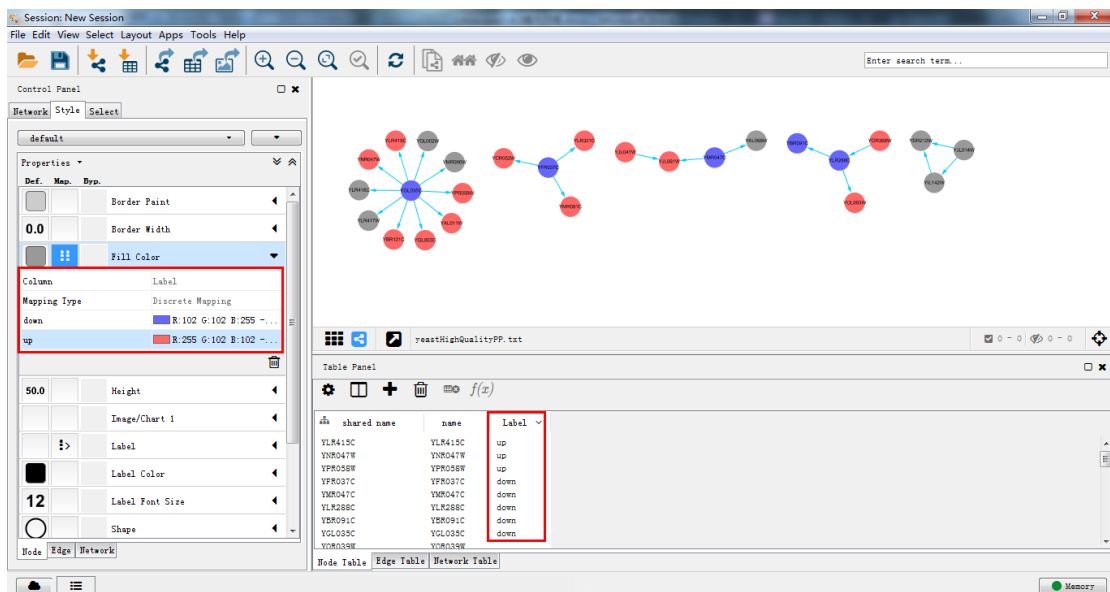
5 导入差异表达基因及其属性列，映射到互作网络中作为各节点的拓扑性质。



选取目标网络、设置关键列（Column1）、选择需要的节点属性列（可以选取多列，本例选取 Column2，并重命名为 Label，其中为 up/down 数据）。

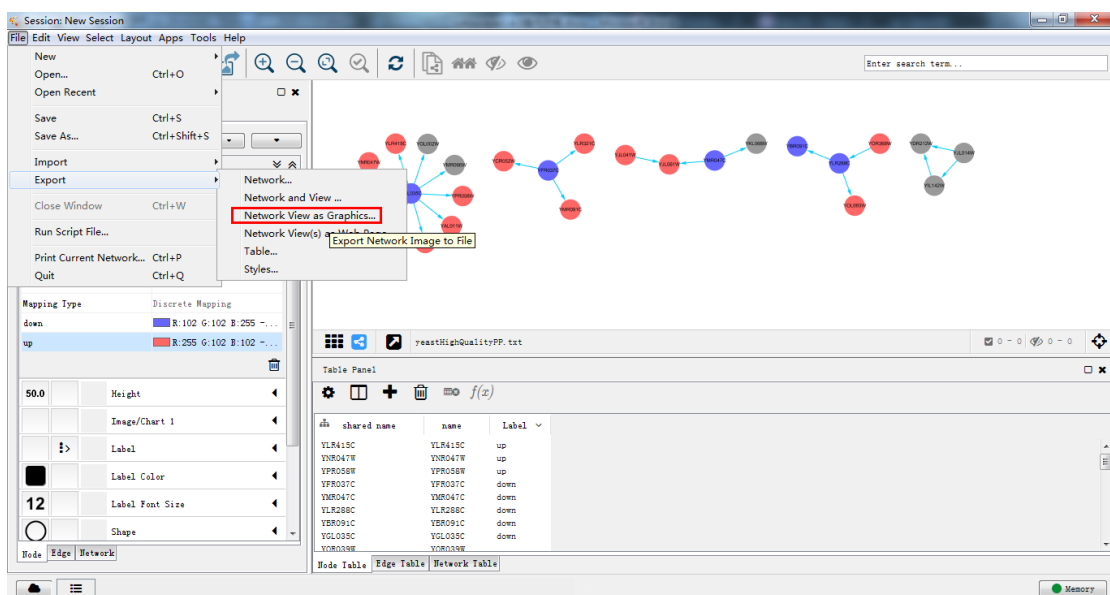


- 6 根据上下调基因（up/down）标示网络，定义上调基因（up）为红色，下调基因（down）为蓝色。

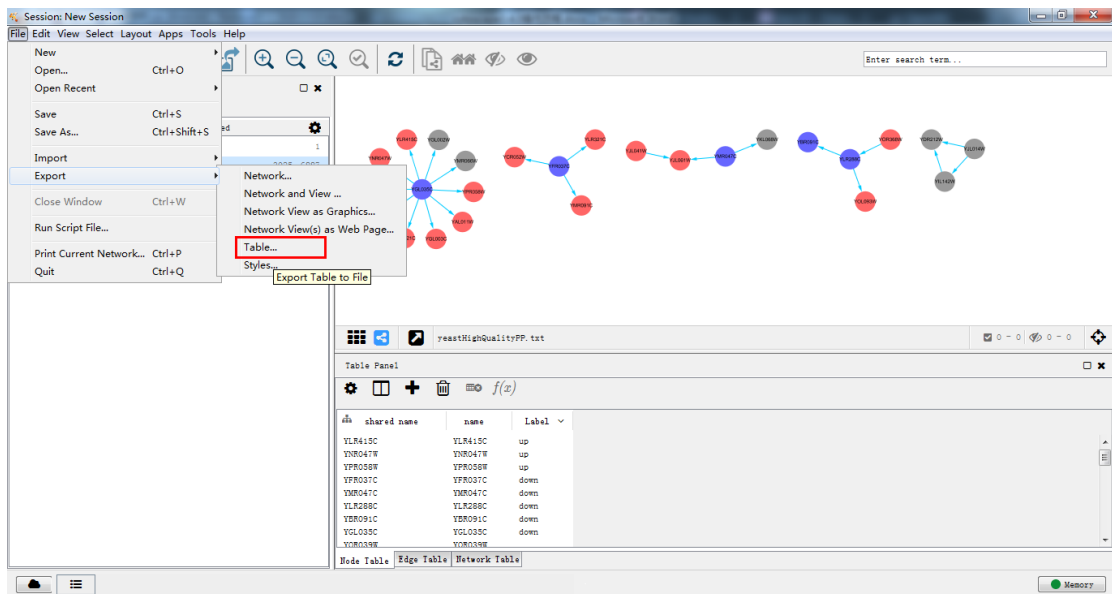


7 导出数据

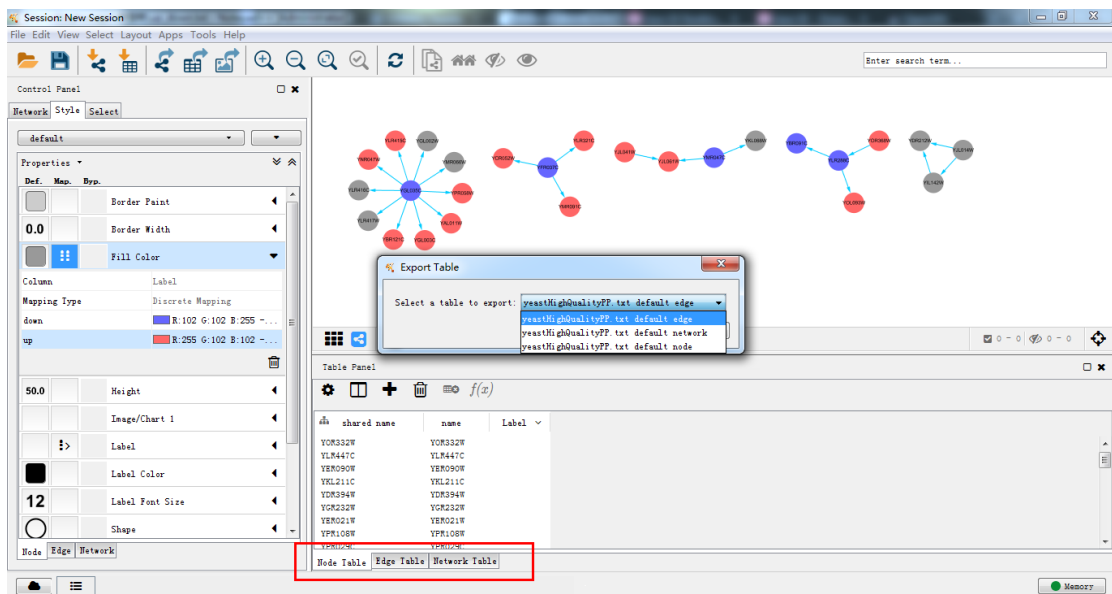
7.1 导出图像 Export Network as Graphics



7.2 导出数据 Export Table



可导出数据面板中的网络节点、边和整体网络的信息。



在弹出窗口编辑导出文件名

