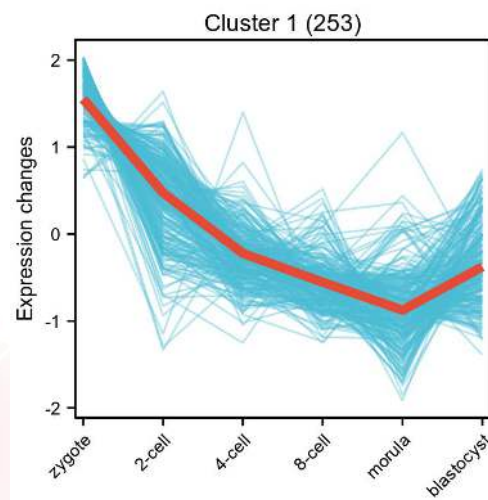


表达差异 - 趋势分析



网址: <https://www.xiantao.love>



更新时间: 2023.04.04

目录

基本概念	3
应用场景	4
分析流程	4
结果解读	6
数据格式	7
参数说明	8
数据处理	8
分子列表	9
聚类	12
线	16
趋势线	18
标题文本	19
坐标轴	19
风格	20
图片	20
结果说明	21
主要结果	21
补充结果	22
方法学	23
如何引用	24
常见问题	25

基本概念

➤ 趋势分析：

- **基本内容**：将变化特征模式相似的基因归类到一种变化趋势中，从而找到实验变化过程中最具有代表性的基因集以及对应的趋势特征，揭示生物样本在变化过程中所特有的规律
- **趋势分析的优势**：
 - ◆ **简洁**：将大量的基因归类为几个或十几个趋势中，简化分析难度
 - ◆ **全面**：可整合多点的数据，呈现基因的全局变化模式
 - ◆ **归类**：精细分类，将变化特征模式相似的基因归类到一种变化趋势中，缩小研究范围
 - ◆ **直观**：每个趋势背后本身就有生物学意义

➤ 趋势分析基因集的选择：

- **选取差异基因的并集**：如果我们想要对所有比较组的差异基因（筛选参照标准： $|FC| > 2$, $FDR < 0.05$ ）展开趋势分析，可对每个比较组两两比较后，取各比较组的差异基因的并集再进行趋势分析
- **选择关注的基因集**：通过富集分析锁定与实验研究相关的通路，再单独选定这些通路作为目标基因集，开展趋势分析。如可对植物抗病反应中与免疫通路相关的基因单独生成基因集，再以此基因集为目标，进行趋势分析

➤ **模糊 c 均值聚类**：最广泛使用的模糊聚类算法之一，与 k 均值划分聚类较为相似，通过不断迭代使组内平方和最小化

■ 与 k 均值聚类的区别：

- ◆ k 均值划分聚类中每个对象只由一个聚类中心约束

- ◆ 模糊 c 均值聚类中对象与所有聚类中心都有关

应用场景

趋势分析为梯度类文章的核心分析点：

- 如实验设计（3-5 组）涉及梯度处理（时间变化、药物浓度/剂量变化、疾病程度、生长周期等）可利用趋势分析将表达模式相似的基因进行归类，从而找到实验变化过程中最具有代表性的基因集以及对应的趋势特征，揭示生物样本在变化过程中所特有的规律
- 后续可再与功能富集分析结合，更有效地挖掘数据内部的规律
-

分析流程

上传数据 ➡ 数据处理(清洗) ➡ 趋势分析 ➡ 可视化

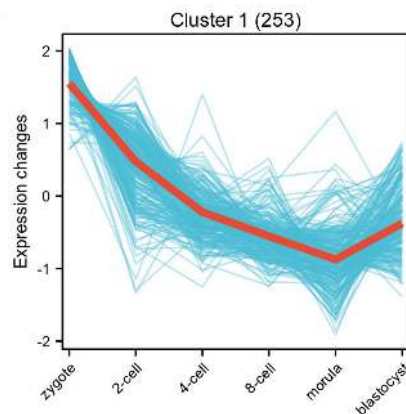
- 数据格式：csv / txt（具体格式可见后面数据格式）

- 第 1 列表示基因/分子，分类类型数据

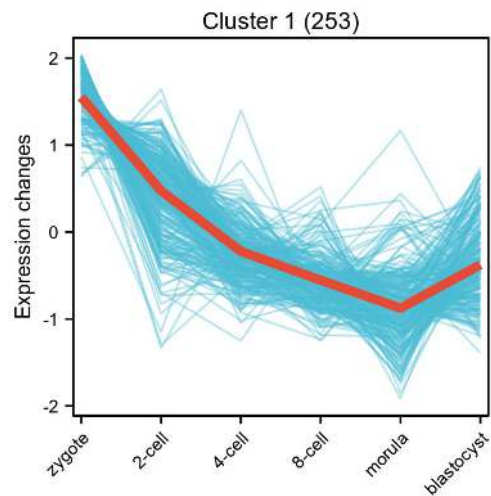
- 第 2 列开始直至后面每 1 列都代表一个变量/样本/分组/周期/....., 必须是数值类型数据
- 数据中不能含有无法识别的字符
-

	A	B	C	D	E	F	G
1	Gene Name	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
2	Oog4	1.313228158	1.237078071	1.325978301	1.262072858	0.654931201	0.706711413
3	Psmc9	1.091733661	1.315988818	1.174417176	1.064755762	0.868559758	0.484544826
4	Sephs2	0.985923229	1.201025666	1.123075884	1.084673306	0.887893071	0.717408846
5	Nhlrc2	0.985635396	1.038786861	1.061925702	1.07682528	0.971694525	0.865132238
6	Trappc4	1.077531048	0.975754189	1.065544405	1.080972655	0.973214514	0.82698319
7	Ywhah	1.048530588	1.021221594	1.117839136	1.199569313	1.038409602	0.574429769
8	Dctpp1	1.074289479	1.251221911	1.109748537	1.054485506	0.911285034	0.598960534
9	Ciao1	1.1287154	1.154328381	1.093782066	1.085312595	0.895078792	0.642782766
10	Oas1f	1.377463453	1.151900872	1.092350382	1.299218197	0.810463117	0.268603981
11	Ppp2r2d	0.980657093	1.050417922	1.037898234	1.032495275	1.000525676	0.898005801
12	Scrn2	1.036442673	1.219287138	1.097332301	1.052147331	0.920951292	0.673839265
13	Arl6	0.992949464	1.124964186	1.280320117	1.038689675	0.91368315	0.649393409
14	Fam188a	1.202379408	1.295721287	1.206139655	1.087053524	0.847871901	0.360834227
15	SLMO41H02H	1.226469096	1.214497156	1.195606698	1.060219127	0.886762535	0.41644539
16	Tmem135	1.086683431	1.269904344	1.003850079	1.169924562	0.910325341	0.559312244

- 数据处理：分别对第 1 列（基因/分子）、第 2 列开始后的所有变量进行清洗（去除掉数据中的非数值或者不符合条件的数据）
- 趋势分析：对清洗后的数据进行相关趋势分析
- 可视化



结果解读



- 横坐标表示每一个变量/样本/分组/周期，（对应数据除了第 1 列外的各列列名）
- 纵坐标表示基因或分子的表达水平
- 每一条线表示在进行分群聚类之后对应基因的表达水平，一条线对应一个基因（对应数据第 1 列）
- 图上方标题“Cluster xx (y)”中，“Cluster xx”表示进行模糊 c 均值聚类时的第 xx 个分群情况，y 表示该分群中共有多少个基因（多少条线）

数据格式

	A	B	C	D	E	F	G
1	Gene Name	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
2	Oog4	1.313228158	1.237078071	1.325978301	1.262072858	0.654931201	0.206711413
3	Psmc9	1.091733661	1.315988818	1.174417176	1.064755762	0.868559758	0.484544826
4	Seph2	0.985923229	1.201025666	1.123075884	1.084673306	0.887893071	0.717408846
5	Nhlrc2	0.985635396	1.038786861	1.061925702	1.07682528	0.971694525	0.865132238
6	Trappc4	1.077531048	0.975754189	1.065544405	1.080972655	0.973214514	0.82698319
7	Ywhah	1.048530588	1.021221594	1.117839136	1.199569313	1.038409602	0.574429769
8	Dctpp1	1.074289479	1.251221911	1.109748537	1.054485506	0.911285034	0.598969534
9	Ciao1	1.1287154	1.154328381	1.093782066	1.085312595	0.895078792	0.642782766
10	Oas1f	1.377463453	1.151900872	1.092350382	1.299218197	0.810463117	0.268603981
11	Ppp2r2d	0.980657093	1.050417922	1.037898234	1.032495275	1.000525676	0.898005801
12	Scrn2	1.036442673	1.219287138	1.097332301	1.052147331	0.920951292	0.673839265
13	Arl6	0.992949464	1.124964186	1.280320117	1.038689675	0.91368315	0.649393409
14	Fam188a	1.202379408	1.295721287	1.206139655	1.087053524	0.847871901	0.360834227
15	530004H02R	1.226469096	1.214497156	1.195606698	1.060219127	0.886762535	0.41644539
16	Tmem135	1.086683431	1.269904344	1.003850079	1.169924562	0.910325341	0.559312244

数据要求：

- 数据至少 4 列 10 行，最多支持 30 列和 30000 行数据
 - 第 1 列表示基因/分子，分类类型数据
 - ◆ 第 1 列为分类数据，不能含有空的内容
 - ◆ 不能含有无法识别的字符或者非法字符
 - ◆ 不能含有重复的值(一个基因对应一个数据)，如果第 1 列有重复的数据的话，将会去掉重复的
 - 第 2 列开始直至后面每 1 列都代表一个变量/样本/分组/周期/.....，必须是数值类型数据
 - ◆ 不能含有无法识别的字符或者非法字符
- 变量名不能重复(列名不能重复)

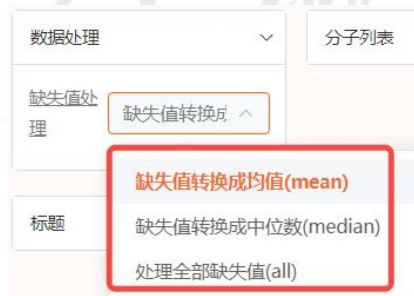
参数说明

(说明：标注了颜色的为常用参数。)

数据处理



- 缺失值处理：可以选择对上传数据中含有缺失值部分内容处理，默认将缺失值转换成均值（缺失值转换成均值表示：再上传数据中，将含有缺失值的基因对应各变量/分组中的表达值计算得到均值，替换掉含有该基因含有缺失的部分），还可以选择处理掉全部缺失值或者其他，如下：



分子列表



- 分子 ID: 可以输入需要进行处理的分子, 来自数据中的 ID(上传数据第 1 列), 一行一个 ID, 如果输入分子 ID 与数据第 1 列中的基因/分子不匹配, 则不会有什么作用, 如果匹配成功则对这些分子进行相关处理(分析或可视化)



- 类型: 可以选择对分子列表进行处理类型, 默认为可视化处理, 还可以选择分析处理, 如下:
 - 分析处理: 上传分子列表比对到数据中再进行分析, 分子列表至少输入 20 个, 可以对应查看 **补充结果部分内容**

分子列表

分子ID

Sephs2

Dctpp1

Ciao1

Oas1f

Scrn2

Nhlrc2

Ywhah

Fam188a

类型

分析处理

表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	8	0.009779403	0.010644321	0.012172146	0.010428986	0.011184237	0.010298988	0.010936879	0.924555039
Psmid9	5	0.010442902	0.021606391	0.011199752	0.014554064	0.894106085	0.011290038	0.024242115	0.012558653
Sephs2	4	0.006867014	0.010403051	0.006999412	0.940291087	0.009814081	0.008253384	0.009475268	0.007896703
Nhlrc2	6	0.007170137	0.006582916	0.006201568	0.007091717	0.006541562	0.953242397	0.006469044	0.006700659
Ywhah	1	0.957616327	0.005762053	0.006359906	0.005659451	0.005803560	0.006877242	0.005818757	0.006102704
Dctpp1	7	0.010229730	0.021980644	0.011027256	0.013728807	0.023685161	0.010908402	0.896441215	0.011998786
Ciao1	8	0.102529442	0.128273696	0.128561669	0.114256137	0.137693763	0.105164352	0.137733332	0.145787609
Oas1f	3	0.008412339	0.008025237	0.941487896	0.007630163	0.008232805	0.007867819	0.008296590	0.010047152
Scrn2	2	0.008807180	0.911547720	0.009273666	0.013104716	0.018353085	0.009650837	0.019109952	0.010152843
Fam188a	5	0.099306659	0.135614454	0.113766089	0.114798001	0.154175421	0.102085307	0.150548691	0.129705378

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	1	0.22192536	0.09704457	0.5388654	0.9126082	0.1756424	-1.946086
2	1	0.19522268	1.17469930	0.5214005	0.2793488	-0.4234571	-1.747214
3	1	0.92395815	0.37182586	0.2260571	0.7324284	-0.4639505	-1.790319
4	1	-0.07985858	1.14045257	0.6982304	0.4803660	-0.6360016	-1.603189
5	2	0.31433405	1.08274784	0.5976485	0.2218901	-0.4503868	-1.766234
6	1	-0.18410580	0.49711912	0.7936817	0.9846445	-0.3627824	-1.728557
7	1	0.33069170	1.11827223	0.4885296	0.2425348	-0.3949021	-1.785126
8	2	0.67469653	0.51067105	0.7021593	0.5645063	-0.7432801	-1.708753

- 可视化处理：对数据进行分析处理之后，输入分子列表可画出其对应的可视化结果，分子列表需要是对应分群中的分子（可以从补充结果[聚类分群分析--表 1]查看）

分子列表

分子ID
Oog4
Psmc9
Seph2
Dctpp1
Ciao1
Oas1f

类型
可视化处理

聚类

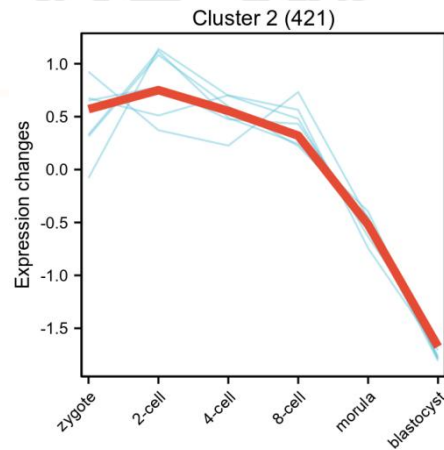
切分(分群) 8

当前可视
化分群值 2

种子号 2023

表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.011360401	0.83236837	0.0020582382	0.09733502	0.0017824476	0.0029727041	0.050448054	0.0016747605
Psmc9	2	0.009562773	0.82538634	0.0020813987	0.10230809	0.0017588598	0.0028711114	0.054363864	0.0016675626
Seph2	2	0.022372631	0.53764615	0.0070188139	0.30363823	0.0058531162	0.0091014247	0.108814521	0.0055551120
Nhlrc2	4	0.007548832	0.11414746	0.0039176914	0.84415285	0.0026849591	0.0035829546	0.021266556	0.0026987028
Trappc4	4	0.046199409	0.34917528	0.0141860699	0.46865924	0.0103013110	0.0147879305	0.086427379	0.0102633819
Ywhah	4	0.008116869	0.08564129	0.0042088894	0.87675489	0.0025864112	0.0033195642	0.016676373	0.0026957115
Dctpp1	2	0.011290030	0.79939005	0.0024485834	0.11891905	0.0020524711	0.0033362155	0.060611694	0.0019519080
Ciao1	2	0.001767024	0.97109342	0.0003039852	0.01706131	0.0002588763	0.0004313868	0.008839129	0.0002448703
Oas1f	2	0.036399494	0.60803929	0.0063432619	0.23507735	0.0052112083	0.0084173300	0.095515355	0.0049967106
Ppp2r2d	4	0.011130803	0.15885629	0.0060241013	0.77808199	0.0040112613	0.0053022481	0.032514796	0.0040785123
Scrn2	2	0.015272363	0.71154782	0.0037277888	0.17814854	0.0031076093	0.0049792564	0.080258414	0.0029582040
Arl6	4	0.027905210	0.41368458	0.0106644845	0.42261627	0.0082437626	0.0120501066	0.096806793	0.0080287904



聚类

聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 2

种子号 2023

- 切分(分群): 可以选择趋势分析过程中进行聚类分析时的分群值，对应修改
可以查看补充结果部分，如下：

聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 2

种子号 2023

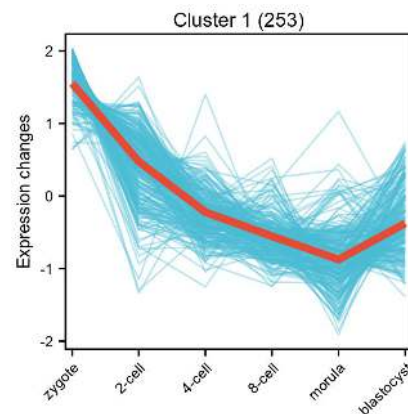


表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.011360401	0.83236837	0.0020582382	0.09733502	0.0017824476	0.0029727041	0.050448054	0.0016747605
Psmd9	2	0.009562773	0.82538634	0.0020813987	0.10230809	0.0017588598	0.0028711114	0.054363864	0.0016675626
Sephs2	2	0.022372631	0.53764615	0.0070188139	0.30363823	0.0058531162	0.0091014247	0.108814521	0.0055551120
Nhlrc2	4	0.007548832	0.11414746	0.0039176914	0.84415285	0.0026849591	0.0035829546	0.021266556	0.0026987028
Trappc4	4	0.046199409	0.34917528	0.0141860699	0.46865924	0.0103013110	0.0147879305	0.086427379	0.0102633819
Ywhah	4	0.008116869	0.08564129	0.0042088894	0.87675489	0.0025864112	0.0033195642	0.016676373	0.0026957115

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	253	1.55320991	0.4744429	-0.2220547	-0.5546981	-0.87507544	-0.3758246
2	421	0.57092158	0.7504284	0.5540010	0.3200849	-0.52123296	-1.6742029
3	280	-1.04942598	-0.8292200	-0.2921795	0.1835364	0.92679852	1.0604905
4	369	0.03186284	0.4338758	0.5998064	0.7248207	-0.02966986	-1.7606958
5	846	-0.41850730	-0.4092091	-0.4595882	-0.4355670	-0.24862456	1.9714961
6	282	0.44926125	0.1705107	-0.3526493	-0.6956429	-0.95793984	1.3864601
7	353	0.90061624	1.0005894	0.3362250	-0.2031898	-1.01638408	-1.0178568
8	963	-0.67689243	-0.6345555	-0.4790338	-0.2973486	0.21352427	1.8743059

聚类

切分(分群) 5

当前可视化分群值 1

种子号 2023

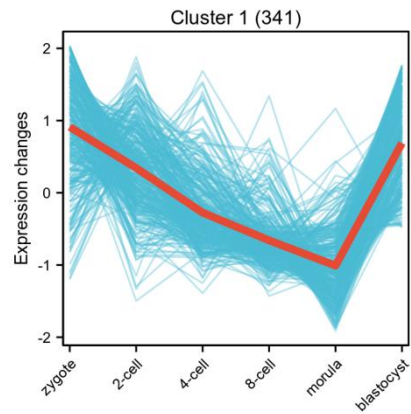


表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5
Oog4	4	0.015112321	0.16323407	0.005447368	0.8110310	0.005175287
Psmid9	4	0.013160871	0.14158189	0.005106039	0.8353684	0.004782791
Sephs2	4	0.020683985	0.13890502	0.009184433	0.8227141	0.008512435
Nhlrc2	4	0.011009599	0.04564867	0.006934343	0.9305904	0.005816946
Trappc4	4	0.035663670	0.15573097	0.018157268	0.7746887	0.015759394

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	341	0.9116344	0.3432346	-0.2751428	-0.65904891	-1.0089862	0.688309
2	566	1.0206864	0.8728396	0.2550035	-0.18038489	-0.9110601	-1.057085
3	640	-0.8815711	-0.7266614	-0.3872483	-0.07105866	0.5410982	1.525441
4	702	0.2517058	0.5746681	0.5914955	0.55416311	-0.2391459	-1.732887
5	1518	-0.4781074	-0.4730886	-0.4714371	-0.40345820	-0.1153638	1.941455

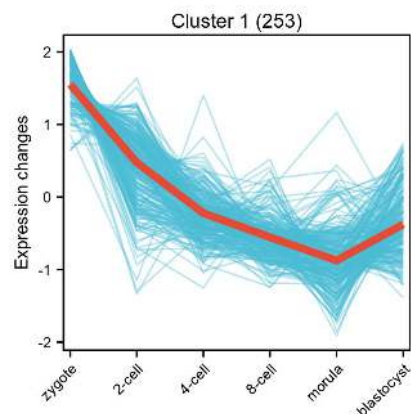
- 当前可视化分群值：可以选择所需要进行可视化的聚类分群编号，“auto”表示会默认选择分群值，如下：

聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 1

种子号 2023

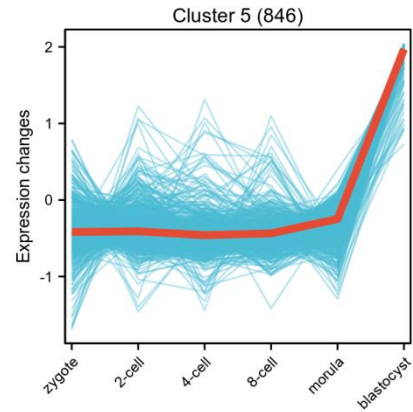


聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 5

种子号 2023



➤ 种子号：设置种子号，不同的种子号对应不同的结果，如下：

聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 1

种子号 2023

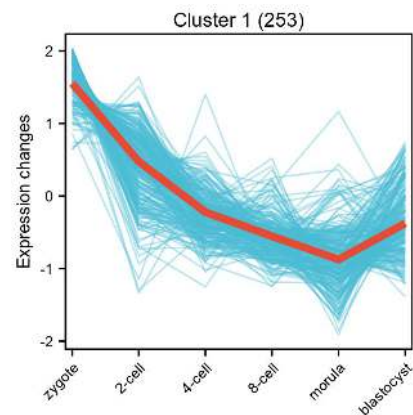


表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.011360401	0.83236837	0.0020582382	0.09733502	0.0017824476	0.0029727041	0.050448054	0.0016747605
Psmid9	2	0.009562773	0.82538634	0.0020813987	0.10230809	0.0017588598	0.0028711114	0.054363864	0.0016675626
Sephs2	2	0.022372631	0.53764615	0.0070188139	0.30363823	0.0058531162	0.0091014247	0.108814521	0.0055551120
Nhlrc2	4	0.007548832	0.11414746	0.0039176914	0.84415285	0.0026849591	0.0035829546	0.021266556	0.0026987028
Trappc4	4	0.046199409	0.34917528	0.0141860699	0.46865924	0.0103013110	0.0147879305	0.086427379	0.0102633819

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	253	1.55320991	0.4744429	-0.2220547	-0.5546981	-0.87507544	-0.3758246
2	421	0.57092158	0.7504284	0.5540010	0.3200849	-0.52123296	-1.6742029
3	280	-1.04942598	-0.8292200	-0.2921795	0.1835364	0.92679852	1.0604905
4	369	0.03186284	0.4338758	0.5998064	0.7248207	-0.02966986	-1.7606958
5	846	-0.41850730	-0.4092091	-0.4595882	-0.4355670	-0.24862456	1.9714961
6	282	0.44926125	0.1705107	-0.3526493	-0.6956429	-0.95793984	1.3864601
7	353	0.90061624	1.0005894	0.3362250	-0.2031898	-1.01638408	-1.0178568
8	963	-0.67689243	-0.6345555	-0.4790338	-0.2973486	0.21352427	1.8743059

聚类

切分(分群) 8

当前可视化分群值 1

种子号 2018

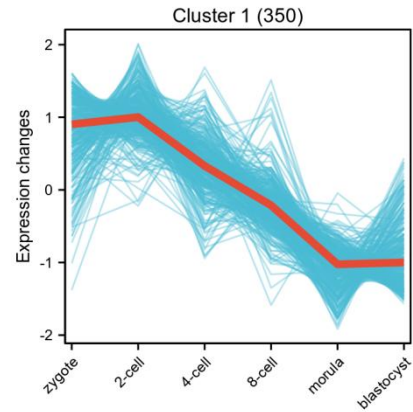


表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.048876918	0.82917585	0.0018061790	0.0016982908	0.0029947986	0.011414158	0.10194121	0.0020925912
Psmid9	2	0.052375043	0.82285519	0.0017754483	0.0016845282	0.0028823242	0.009558264	0.10676116	0.0021080469
Sephs2	2	0.105816004	0.53307274	0.0058816424	0.0055863728	0.0091028513	0.022278062	0.31118521	0.0070771170
Nhlrc2	7	0.021025149	0.11136929	0.0027213514	0.0027371737	0.0036185848	0.007608052	0.84693310	0.0039872983
Trappc4	7	0.084791772	0.34259400	0.0103528955	0.0103213319	0.0147930656	0.046309388	0.47652609	0.0143114590
Ywhah	7	0.016554734	0.08370287	0.0026295727	0.0027424440	0.0033625939	0.008224884	0.87848445	0.0042984485

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	350	0.90343965	1.0023353	0.3306542	-0.2130189	-1.02445231	-0.9989579
2	426	0.57927885	0.7565802	0.5510566	0.3113608	-0.53158293	-1.6666935
3	848	-0.42010127	-0.4106976	-0.4598692	-0.4348594	-0.24618837	1.9717159
4	959	-0.67821158	-0.6353645	-0.4788082	-0.2964313	0.21553590	1.8732798
5	284	0.44086100	0.1661182	-0.3538448	-0.6946714	-0.95376898	1.3953060
6	248	1.55775075	0.4656189	-0.2267341	-0.5557122	-0.87009109	-0.3708324
7	372	0.04126597	0.4390131	0.6009220	0.7197962	-0.03569677	-1.7653004
8	280	-1.05035390	-0.8293680	-0.2904378	0.1869771	0.92960710	1.0535755

线

线

颜色类型

无

颜色

线条类型

实线

线条粗细

0.75pt

不透明度

0.4

- 颜色类型：可以通过修改颜色来进行渐变，也可以随机生成不同的颜色，默认表示根据默认的颜色来进行绘制，随机表示随机生成颜色来进行绘制，自定义渐变表示可以通过修改默认颜色第 1/2 个颜色来进行映射，如下：

线

颜色类型

默认

颜色

线条类型

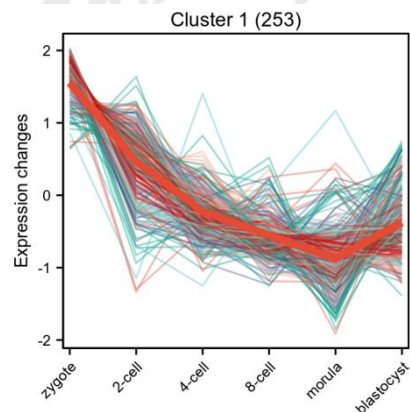
实线

线条粗细

0.75pt

不透明度

0.4



线

颜色类型

随机

颜色

线条类型

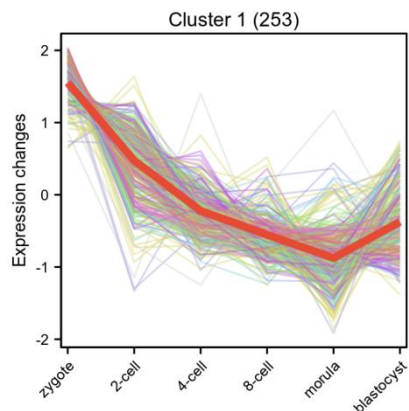
实线

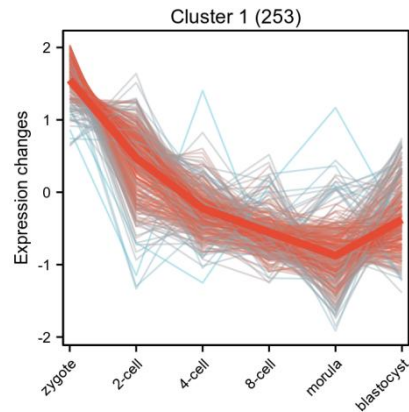
线条粗细

0.75pt

不透明度

0.4





- 颜色：线条颜色，可以通过修改颜色类型与颜色来进行每个基因的对应的线颜色
- 线条类型：线条类型，默认为实线，可以选择虚线类型
- 线条粗细：线条粗细，默认为 0.75pt
- 不透明度：线条不透明度，默认为 0.4, 1 表示完全不透明，0 表示完全透明

趋势线

趋势线

是否展示

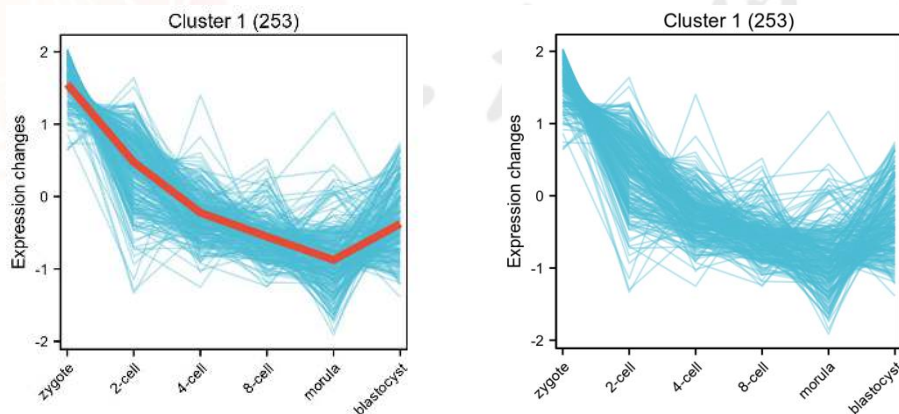
颜色

线条类型 实线

线条粗细 1.25pt

不透明度 1

- 是否展示: 可以选择是否展示不同分群中各基因在不同样本中的变化(表达趋势)的线，默认为展示，还可以选择不展示，如下：



- 颜色: 可以修改趋势线的颜色
- 线条类型: 可以选择并修改趋势线的线条类型，默认为实线，还可以选择虚线
- 线条粗细: 可以选择并修改趋势线的线条粗细，默认为 1.25pt
- 不透明度: 可以修改趋势线不透明度，默认为 1，1 表示完全不透明，0 表示完全透明

标题文本

标题

大标题

大标题内容

x轴标题

x轴标题内容

y轴标题

y轴标题内容

- 大标题：大标题文本
- x 轴标题：x 轴标题文本
- y 轴标题：y 轴标题文本

补充：在要换行的中间插入\n。如果需要上标，可以用两个英文输入法下的大括号括住，比如 {{2}}；如果需要下标，可以用两个英文输入法下的中括号括住，比如 [[2]]

坐标轴

坐标轴

x轴旋转

45

- x 轴旋转：可以选择并修改 x 轴刻度文字的旋转角度

风格



- 边框：是否添加主图的外框
- 网格：是否添加网格
- 文字大小：控制整体文字大小，默认为 7pt

图片



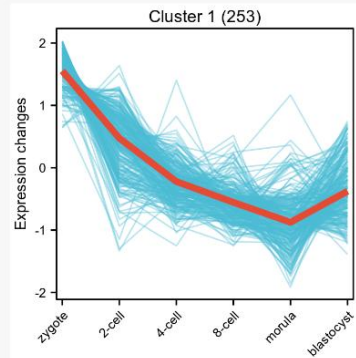
- 宽度：图片横向长度，单位为 cm
- 高度：图片纵向长度，单位为 cm
- 字体：可以选择图片中文字的字体

结果说明

主要结果

趋势分析

趋势分析: 用线的方式来展示不同基因在不同样本/时间段中的变化(表达)情况



趋势分析.pdf

趋势分析.tiff

- 横坐标表示各个样本/不同时间段 (对应数据除了第1列外的各列列名)
- 纵坐标表示分子/基因的表达水平
- 每一条线表示在进行分群聚类之后对应基因的表达水平, 一条线对应一个基因 (对应数据第一列)
- 图上方标题 "Cluster xx (y)" 中, "Cluster xx" 表示进行模糊c均值聚类时的第xx个分群情况, y表示该分群中共有多少个基因 (多少条线)

补充结果

聚类分析

表1: 提供切分后的分群的情况

表2: 提供各样本在各分群中的聚类结果以及各分群中的基因数目

表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.011360401	0.83236837	0.0020582382	0.09733502	0.0017824476	0.0029727041	0.050448054	0.0016747605
Psmid9	2	0.009562773	0.82538634	0.0020813987	0.10230809	0.0017588598	0.0028711114	0.054363864	0.0016675626
Sephs2	2	0.022372631	0.53764615	0.0070188139	0.30363823	0.0058531162	0.0091014247	0.108814521	0.0055551120
Nhlrc2	4	0.007548832	0.11414746	0.0039176914	0.84415285	0.0026849591	0.0035829546	0.021266556	0.0026987028
Trappc4	4	0.046199409	0.34917528	0.0141860699	0.46865924	0.0103013110	0.0147879305	0.086427379	0.0102633819
Ywhah	4	0.008116869	0.08564129	0.0042088894	0.87675489	0.0025864112	0.0033195642	0.016676373	0.0026957115
Dctpp1	2	0.011290030	0.79939005	0.0024485834	0.11891905	0.0020524711	0.0033362155	0.060611694	0.0019519080
Ciao1	2	0.001767024	0.97109342	0.0003039852	0.01706131	0.0002588763	0.0004313868	0.008839129	0.0002448703
Oas1f	2	0.036399494	0.60803929	0.0063432619	0.23507735	0.0052112083	0.0084173300	0.095515355	0.0049967106
Ppp2r2d	4	0.011130803	0.15885629	0.0060241013	0.77808199	0.0040112613	0.0053022481	0.032514796	0.0040785123
Scrn2	2	0.015272363	0.71154782	0.0037277888	0.17814854	0.0031076093	0.0049792564	0.080258414	0.0029582040
Arl6	4	0.027905210	0.41368458	0.0106644845	0.42261627	0.0082437626	0.0120501066	0.096806793	0.0080287904

表2: 各样本分群分析情况

分群	基因数目	zygote	2-cell	4-cell	8-cell	morula	blastocyst
1	253	1.55320991	0.47444429	-0.2220547	-0.5546981	-0.87507544	-0.3758246
2	421	0.57092158	0.7504284	0.5540010	0.3200849	-0.52123296	-1.6742029
3	280	-1.04942598	-0.8292200	-0.2921795	0.1835364	0.92679852	1.0604905
4	369	0.03186284	0.4338758	0.5998064	0.7248207	-0.02966986	-1.7606958
5	846	-0.41850730	-0.4092091	-0.4595882	-0.4355670	-0.24862456	1.9714961
6	282	0.44926125	0.1705107	-0.3526493	-0.6956429	-0.95793984	1.3864601
7	353	0.90061624	1.0005894	0.3362250	-0.2031898	-1.01638408	-1.0178568
8	963	-0.67689243	-0.6345555	-0.4790338	-0.2973486	0.21352427	1.8743059

聚类分群-分子.csv

聚类分群-样本.xlsx

表1: 通过各基因在各分群中聚类的结果, 判断基因的所属分群:

· 各基因在各分群中聚类的结果对比, 其中值最大的分群就是该基因在此聚类中所属分群

➤ 这里提供:

■ 聚类分析结果(切分后的分群的情况): 表 1

◆ 通过各基因在各分群中聚类的结果, 判断基因的所属分群:

● 各基因在各分群中聚类的结果对比, 其中值最大的分群就是该基因在此聚类中所属分群

■ 各样本在各分群中的聚类结果以及各分群中的基因数目: 表 2

方法学

统计分析和可视化均在 R 4.2.1 版本中进行

涉及的 R 包：Mfuzz（用于分析），ggplot2 包（用于可视化）

处理过程：

- (1) 使用 Mfuzz 包对数据进行趋势分析
- (2) 使用 ggplot2 包对趋势分析得到的结果进行可视化



如何引用

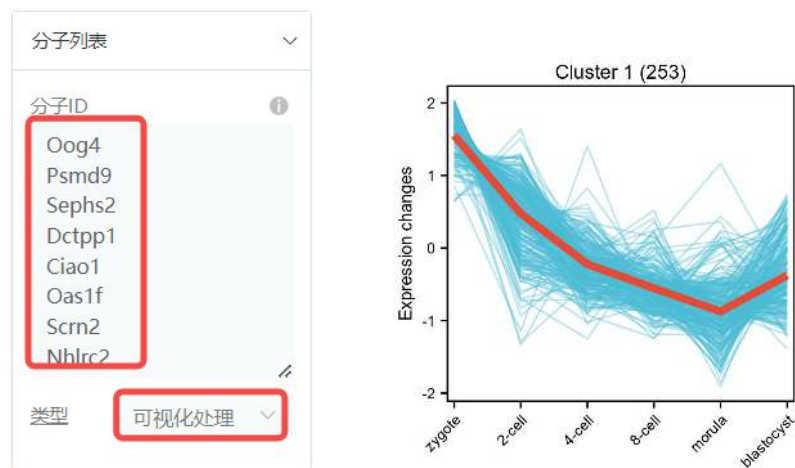
生信工具分析和可视化用的是 R 语言，可以直接写自己用 R 来进行分析和可视化即可，可以无需引用仙桃，如果想要引用仙桃，可以在致谢部分 (Acknowledge) 致谢仙桃学术 (www.xiantao love)。

方法学部分可以参考对应说明文本中的内容以及一些文献中的描述。



常见问题

1. 为什么我输入了分子 ID(基因)，还选择了可视化处理，为什么我的图还是没有改变？



答：首先先确保输入的分子 ID 在上传数据第 1 列中，其次查看补充结果中，找到表 1（切分后的分群的情况）找到这些分子 ID 所在的分群，如下：



表1: 各基因/分子的分析情况

分子名	分群	分群1	分群2	分群3	分群4	分群5	分群6	分群7	分群8
Oog4	2	0.011360401	0.83236837	0.0020582382	0.09733502	0.0017824476	0.0029727041	0.050448054	0.0016747605
Psmd9	2	0.009562773	0.82538634	0.0020813987	0.10230809	0.0017588598	0.0028711114	0.054363864	0.0016675626
Sephs2	2	0.022372631	0.53764615	0.0070188139	0.30363823	0.0058531162	0.0091014247	0.108814521	0.0055551120
Nhlrc2	4	0.007548832	0.11414746	0.0039176914	0.84415285	0.0026849591	0.0035829546	0.021266556	0.0026987028
Trappc4	4	0.046199409	0.34917528	0.0141860699	0.46865924	0.0103013110	0.0147879305	0.086427379	0.0102633819
Ywhah	4	0.008116869	0.08564129	0.0042088894	0.87675489	0.0025864112	0.0033195642	0.016676373	0.0026957115
Dctpp1	2	0.011290030	0.79939005	0.0024485834	0.11891905	0.0020524711	0.0033362155	0.060611694	0.0019519080
Ciao1	2	0.001767024	0.97109342	0.0003039852	0.01706131	0.0002588763	0.0004313868	0.008839129	0.0002448703
Oas1f	2	0.036399494	0.60803929	0.0063432619	0.23507735	0.0052112083	0.0084173300	0.095515355	0.0049967106
Ppp2r2d	4	0.011130803	0.15885629	0.0060241013	0.77808199	0.0040112613	0.0053022481	0.032514796	0.0040785123
Scrn2	2	0.015272363	0.71154782	0.0037277888	0.17814854	0.0031076093	0.0049792564	0.080258414	0.0029582040
Arl6	4	0.027905210	0.41368458	0.0106644845	0.42261627	0.0082437626	0.0120501066	0.096806793	0.0080287904

