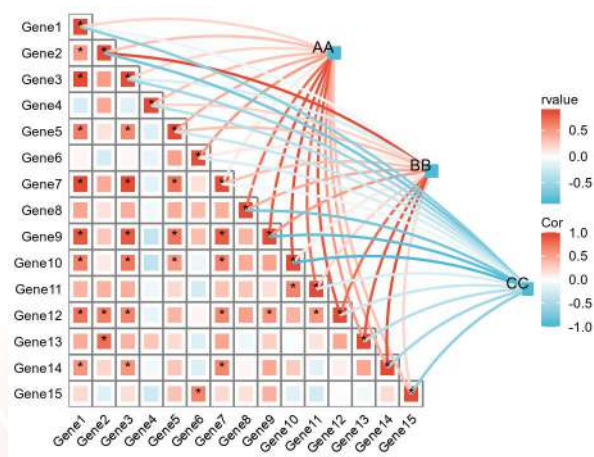


交互网络 - 相关性网络热图



网址: <https://www.xiantao love>



更新时间: 2023.06.15

目录

基本概念	3
应用场景	3
分析流程	3
结果解读	6
数据格式	7
参数说明	9
方法	9
映射	10
布局	14
热图	16
连线(网络)	18
点(网络)	19
标注	21
标题文本	23
图注	23
坐标轴	24
风格	24
图片	25
结果说明	26
主要结果	26
补充结果	27
方法学	29
如何引用	30
常见问题	31

基本概念

- 热图：热图是一个以颜色变化来显示数据情况的矩阵
- 网络图：用节点和连线来展示网络节点间的复杂的关系，展示数据间的相互关系
- 相关性网络热图：通过热图与网络图结合的方式来展示变量之间的相关性，多个数据之间的相互关系

应用场景

相关性网络热图：通过网络连接图和热图的结合，展示多个数据之间的关系，可以用于多组学关联分析，同时展现组间/组内的相关性分析结果

分析流程

上传数据 ➡ 数据处理(清洗) ➡ 分析处理 ➡ 可视化

- 数据格式：（具体数据格式要求可见后续数据格式）

- 热图部分数据(上传数据第一个表格)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11
2	1	2	3	4	5	5	1	4	11	33	45
3	0.5	1	2	4	5	8	2	3	14	23	20
4	4	1	2	3	12	13	3	5	15	22	25
5	5	5	6	4	3	11	4	6	16	21	26
6	8	9	8	7	6	7	5	3	17	20	34
7	2	4	3	7	8	9	6	4	13	24	29
8	11	12	11	8	7	6	7	3	15	25	28
9	14	13	11	6	8	4	9	5	16	27	37
10	6	8	4	6	2	1	4	6	11	28	38
11	18	19	17	18	15	14	12	8	19	30	39
12	19	8	18	1	11	8	13	4	20	33	39
13	20	7	19	2	12	9	14	5	21	34	38
14	22	6	20	3	14	7	15	6	24	35	37
15	21	5	25	4	15	9	16	7	25	36	36
16											

- ◆ 数据每一列都代表一个变量/样本（变量/列）
 - 都需要是数值类型的数据
 - 不能有非数值，特殊值(特殊符号等)，并且每一个变量不能都是一个值

网络图部分数据(上传数据第二个表格) (可以不提供，不提供的话就没有网络图部分内容)

	A	B	C	D
1	node1	node2	rvalue	pvalue
2	Gene1	AA	0.2	> 0.05
3	Gene2	AA	0.3	> 0.05
4	Gene3	AA	0.2	> 0.05
5	Gene4	AA	0.3	> 0.05
6	Gene5	AA	0.4	> 0.05
7	Gene6	AA	0.5	> 0.05
8	Gene7	AA	0.1	> 0.05
9	Gene8	AA	0.7	> 0.05
10	Gene9	AA	0.8	> 0.05
11	Gene10	AA	0.9	> 0.05
12	Gene11	AA	0.7	> 0.05
13	Gene12	AA	0.8	> 0.05
14	Gene13	AA	0.5	> 0.05
15	Gene14	AA	0.4	> 0.05
16	Gene15	AA	0.3	> 0.05

- ◆ 数据第 1 列表示节点信息，都是分类类型数据，对应热图部分数据的各个样本(各列)
- ◆ 数据第 2 列表示节点信息，都需要是分类类型数据
- ◆ 数据第 3 列开始及以后各列可以是数值类型数据也可以是分类类型数据，可对应网络图部分不同的映射内容

➤ 数据处理(清洗):

- ① 热图部分数据：对数据每一列含有非数值类型的数据进行处理
- ② 网络图部分数据：分别对第 1,2 列分类类型数据与其它列数据记性相应的处理
- ◆ 数据中不能含有特殊、无法识别字符串

➤ 分析处理：

- 将清洗后的热图部分数据进行相关性分析(变量与变量之间)
- ◆ 相关性系数表

相关性分析

统计方法: spearman

表1: 相关性系数表

	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11	Gene12
Gene1		0.54	0.97	-0.23	0.695	0.0531	0.946	0.486	0.884	0.678	0.404	0.741
Gene2	0.54		0.531	0.478	0.158	-0.253	0.468	0.15	0.309	0.111	0.423	0.689
Gene3	0.97	0.531		-0.178	0.537	0.0411	0.945	0.442	0.878	0.712	0.439	0.667
Gene4	-0.23	0.478	-0.178		-0.184	-0.131	-0.156	-0.0704	-0.346	-0.372	-0.0928	-0.132
Gene5	0.695	0.158	0.637	-0.184		0.51	0.756	0.445	0.743	0.551	0.203	0.399
Gene6	0.0531	-0.253	0.0411	-0.131	0.51		0.155	0.354	0.357	-0.112	-0.262	0.0535
Gene7	0.946	0.468	0.945	-0.156	0.756	0.155		0.428	0.663	0.667	0.317	0.641
Gene8	0.486	0.15	0.442	-0.0704	0.445	0.354	0.428		0.409	0.455	0.305	0.514
Gene9	0.884	0.309	0.878	-0.346	0.743	0.357	0.863	0.409		0.493	0.17	0.586
Gene10	0.678	0.111	0.712	-0.372	0.551	-0.112	0.667	0.455	0.493		0.672	0.415
Gene11	0.404	0.423	0.439	-0.0928	0.203	-0.262	0.317	0.305	0.17	0.672		0.553
Gene12	0.741	0.689	0.667	-0.132	0.399	0.0535	0.641	0.514	0.586	0.415	0.553	

◆ 相关性检验表(p 值表)

表2: 相关性检验表

	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11	Gene12
Gene1		0.0451	9.41e-09	0.43	0.00576	0.857	3.15e-07	0.0784	2.7e-05	0.00774	0.152	0.00242
Gene2	0.0451		0.0507	0.0841	0.589	0.383	0.0915	0.608	0.283	0.704	0.132	0.0064
Gene3	9.41e-09	0.0507		0.543	0.0143	0.889	3.62e-07	0.113	3.59e-05	0.00429	0.116	0.00916
Gene4	0.43	0.0841	0.543		0.53	0.655	0.594	0.811	0.226	0.191	0.752	0.652
Gene5	0.00576	0.589	0.0143	0.53		0.0624	0.00177	0.111	0.00232	0.041	0.487	0.158
Gene6	0.857	0.383	0.889	0.655	0.0624		0.597	0.215	0.21	0.703	0.366	0.856
Gene7	3.15e-07	0.0915	3.62e-07	0.594	0.00177	0.597		0.127	7.02e-05	0.00911	0.27	0.0135
Gene8	0.0784	0.608	0.113	0.811	0.111	0.215	0.127		0.147	0.102	0.288	0.0603
Gene9	2.7e-05	0.283	3.59e-05	0.226	0.00232	0.21	7.02e-05	0.147		0.073	0.56	0.0276
Gene10	0.00774	0.704	0.00429	0.191	0.041	0.703	0.00911	0.102	0.073		0.00845	0.14
Gene11	0.152	0.132	0.116	0.752	0.487	0.366	0.27	0.288	0.56	0.00845		0.0404
Gene12	0.00242	0.0064	0.00916	0.652	0.158	0.856	0.0135	0.0603	0.0276	0.14	0.0404	

相关性系数表

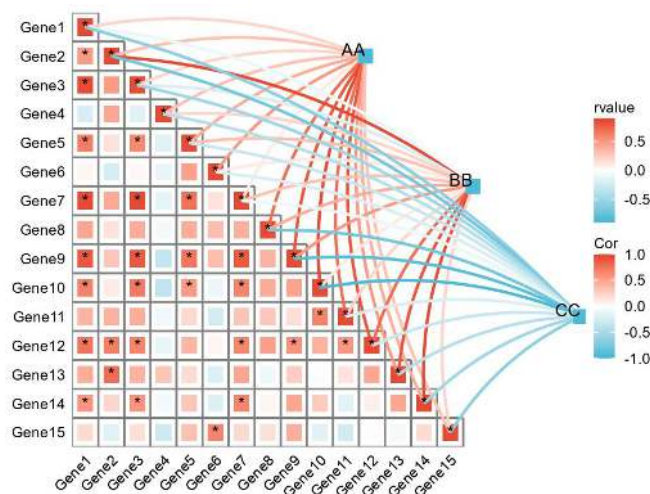
相关性系数表:
1. 表中包含了各个变量间的相关系数(r)值, 相关系数一般在 -1到1 之间, 正负号表示正相关和负相关, 系数绝对值大小表示相关性大小
2. 一般关系强度是: |r|>0.95: 显著性相关; |r|>0.8: 高度相关; 0.5<|r|<0.8: 中度相关; 0.3<|r|<0.5: 低度相关; |r|<0.3: 弱相关

相关性p值表

1. 表中包含了各个变量间的相关性的检验p值

- 将分析后得到的相关性系数与 p 值进行后续的相关性热图部分可视化，将清理后的网络图部分数据进行可视化

结果解读



热图部分：展示了表格 1 中的变量间的相关关系

- 行、列都代表变量/样本
- 每一个小方格表示变量之间的相关系数，颜色越深，变量间越相关

网络图部分：展示了节点与热图中的变量之间（表格 2 中第 1,2 列）的关系

- 连线两端分别对应着表格 2 中第 1,2 列的各节点
- 线条的颜色变化都是由第 2 个表的变量做相应映射而来

补充：

- * 表示 $P\text{value} < 0.05$
- Correlation 代表相关性系数(Correlation)：|Correlation| 越大，变量间相关性越高，反之相关性越低
 - $\text{Correlation} < 0$ ，变量间呈负相关关系
 - $\text{Correlation} = 0$ ，变量间没有相关关系
 - $\text{Correlation} > 0$ ，变量间呈正相关关系
- Pvalue 代表变量间相关系数对应的 Pvalue 值，Pvalue 值越小，变量间相关系数越显著

数据格式

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11
2	1	2	3	4	5	5	1	4	11	33	45
3	0.5	1	2	4	5	8	2	3	14	23	20
4	4	1	2	3	12	13	3	5	15	22	25
5	5	5	6	4	3	11	4	6	16	21	26
6	8	9	8	7	6	7	5	3	17	20	34
7	2	4	3	7	8	9	6	4	13	24	29
8	11	12	11	8	7	6	7	3	15	25	28
9	14	13	11	6	8	4	9	5	16	27	37
10	6	8	4	6	2	1	4	6	11	28	38
11	18	19	17	18	15	14	12	8	19	30	39
12	19	8	18	1	11	8	13	4	20	33	39
13	20	7	19	2	12	9	14	5	21	34	38
14	22	6	20	3	14	7	15	6	24	35	37
15	21	5	25	4	15	9	16	7	25	36	36
16											

数据要求：(xlsx 格式文件)

第一个表格：相关性热图部分数据：

- 数据至少 2 列以上，每列至少 5 行，最多支持 100 列和 5000 行数据
 - 每个变量都需要是数值类型的数据
 - 不能有非数值，特殊值(特殊符号等)
 - 一个样本/变量不能全部为一样的值
 - 每一列列名对应热图的行、列名。图中各变量的顺序与上传数据中各变量的顺序保持一致，若需要调整图中各分类的顺序，需要在上传数据内进行调整，然后再上传数据
 - 每一行可以代表在不同样本对应的列变量的情况。例如表达谱数据
 - 样本名不能重复(列名不能重复)

第2个表格：网络图部分数据（可以不提供，不提供的话就没有网络图部分内容）

	A	B	C	D
1	node1	node2	rvalue	pvalue
2	Gene1	AA	0.2	> 0.05
3	Gene2	AA	0.3	> 0.05
4	Gene3	AA	0.2	> 0.05
5	Gene4	AA	0.3	> 0.05
6	Gene5	AA	0.4	> 0.05
7	Gene6	AA	0.5	> 0.05
8	Gene7	AA	0.1	> 0.05
9	Gene8	AA	0.7	> 0.05
10	Gene9	AA	0.8	> 0.05
11	Gene10	AA	0.9	> 0.05
12	Gene11	AA	0.7	> 0.05
13	Gene12	AA	0.8	> 0.05
14	Gene13	AA	0.5	> 0.05
15	Gene14	AA	0.4	> 0.05
16	Gene15	AA	0.3	> 0.05

- 数据至少2列以上，每列至少2行，最多支持15列和2000行数据
 - 数据第1列表示节点信息，都是分类类型数据，对应热图部分数据的各个样本(各列)
 - ◆ 不能还有空的内容
 - 数据第2列表示节点信息，都需要是分类类型数据
 - 数据第3列开始及以后各列可以是数值类型数据也可以是分类类型数据，可对应网络图部分不同的映射内容
 - ◆ 数值类型数据只能是纯数值类型数据，不能包含非数值与不规则的值
 - ◆ 非数值类型(分类类型)数据不能含有特殊、无法识别字符串等
 - 列名不能重复

参数说明

(说明：标注了颜色的为常用参数。)

方法

方法	▼
统计方法	Spearman ▼

- 统计方法：可以选择变量间进行相关性分析的方法
 - spearman: Spearman(默认)为非参数检验方法，数据可以不需要满足正态性
 - pearson: Pearson 为参数检验方法，数据需要满足双正态

映射

映射 ▼

上半颜色

映射

相关系数

▼

下半颜色

映射

p值

▼

大小映射

不映射

▼

网络(线)

颜色

rvalue

▼

网络(线)

粗细

不映射

▼

- 上半颜色映射：对应热图部分整体颜色的映射，当热图选择的是三角对角线类型时，则对应三角的上半颜色映射，如下：（第 1 个为热图类型—三角对角线；第 2 个为上半颜色映射变量相关系数，下半颜色映射变量 p 值；第 3 个为上半颜色映射变量 p 值，下半颜色映射变量相关系数

热图 ▼

类型

方块

▼

上半(全)颜色

☒

☒

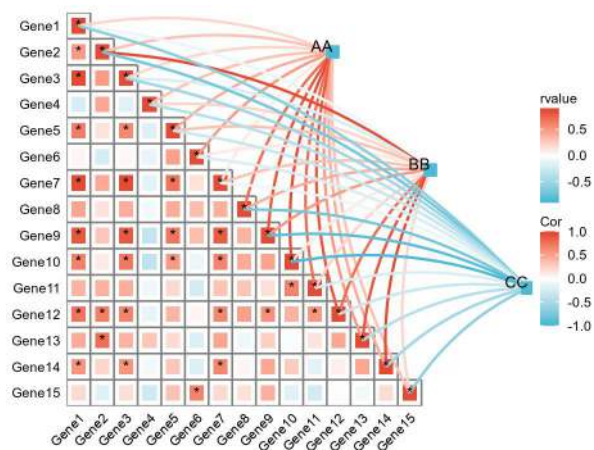
下半颜色

☒

☐

描边色

☒

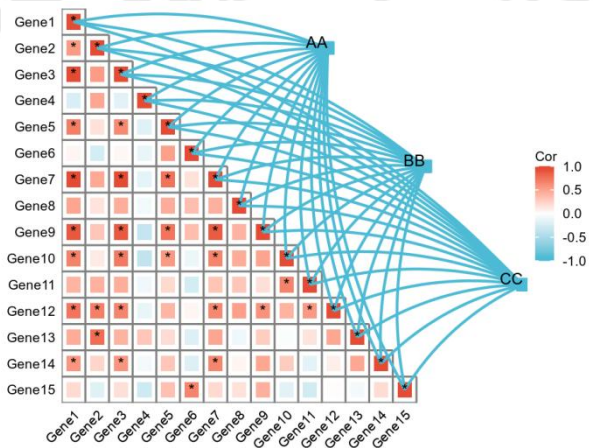
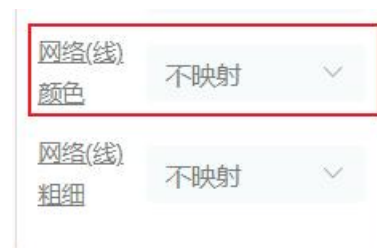
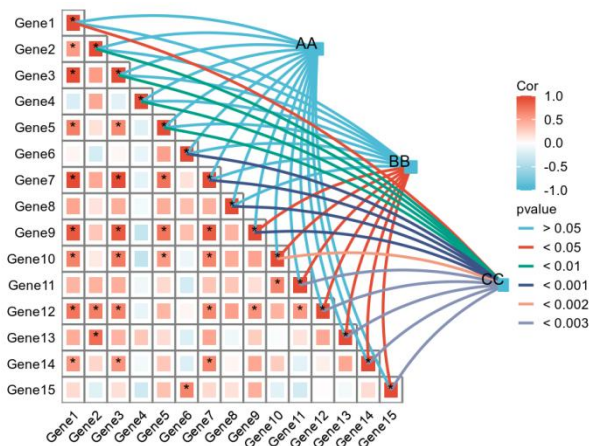
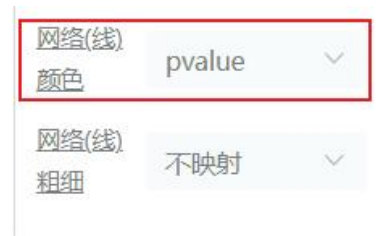
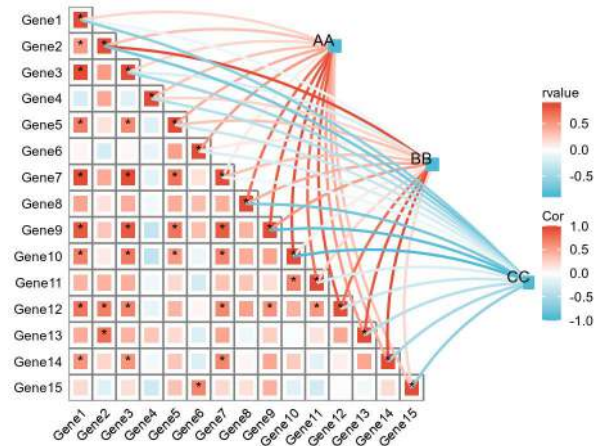
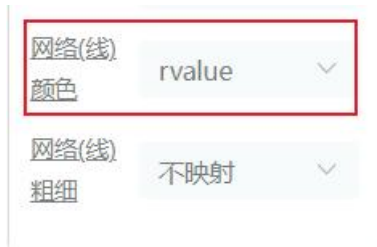




- 下半颜色映射：热图部分当热图选择的是三角对角线类型时，则对应三角的下半颜色映射（如上：上半颜色映射）
- 大小映射：热图部分可以对热图进行大小映射，只有在非三角对角线类型的时候会有效果，对应映射方块大小，默认为不映射，还可以选择相关系数绝对值，如下：



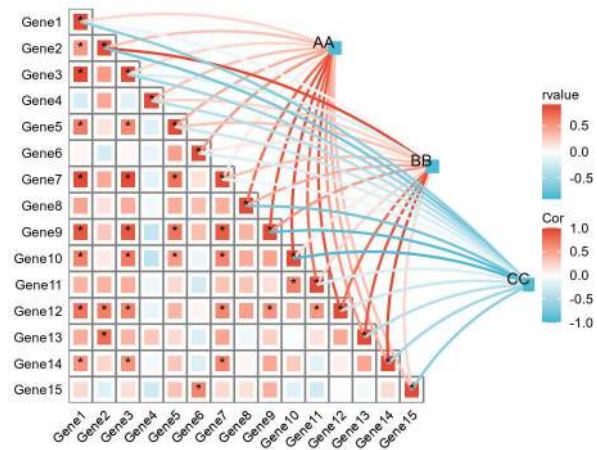
- 网络(线)颜色：来自上传数据第二个表格(网络连接)的变量/列，可以根据上传数据特点选择不同的变量对网络图部分的内容部分线进行相关的线条颜色映射，如下：



- 网络(线)粗细: 来自上传数据第二个表格(网络连接)的变量/列, 可以根据上传数据特点选择不同的变量对网络图部分的内容部分线进行相关的线条粗细映射, 如下:

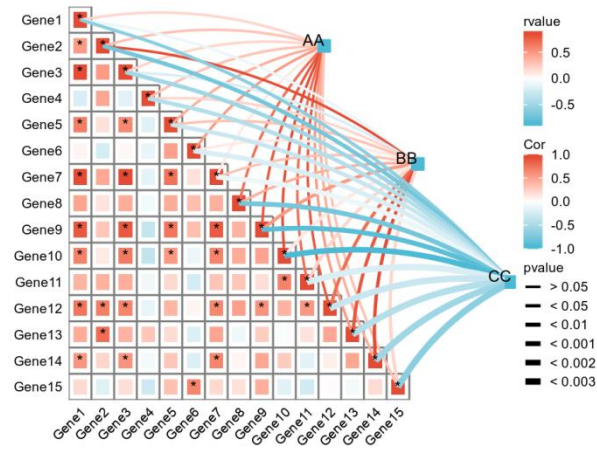
网络(线) 颜色 pvalue

网络(线) 粗细 不映射



网络(线) 颜色 rvalue

网络(线) 粗细 pvalue



布局

布局

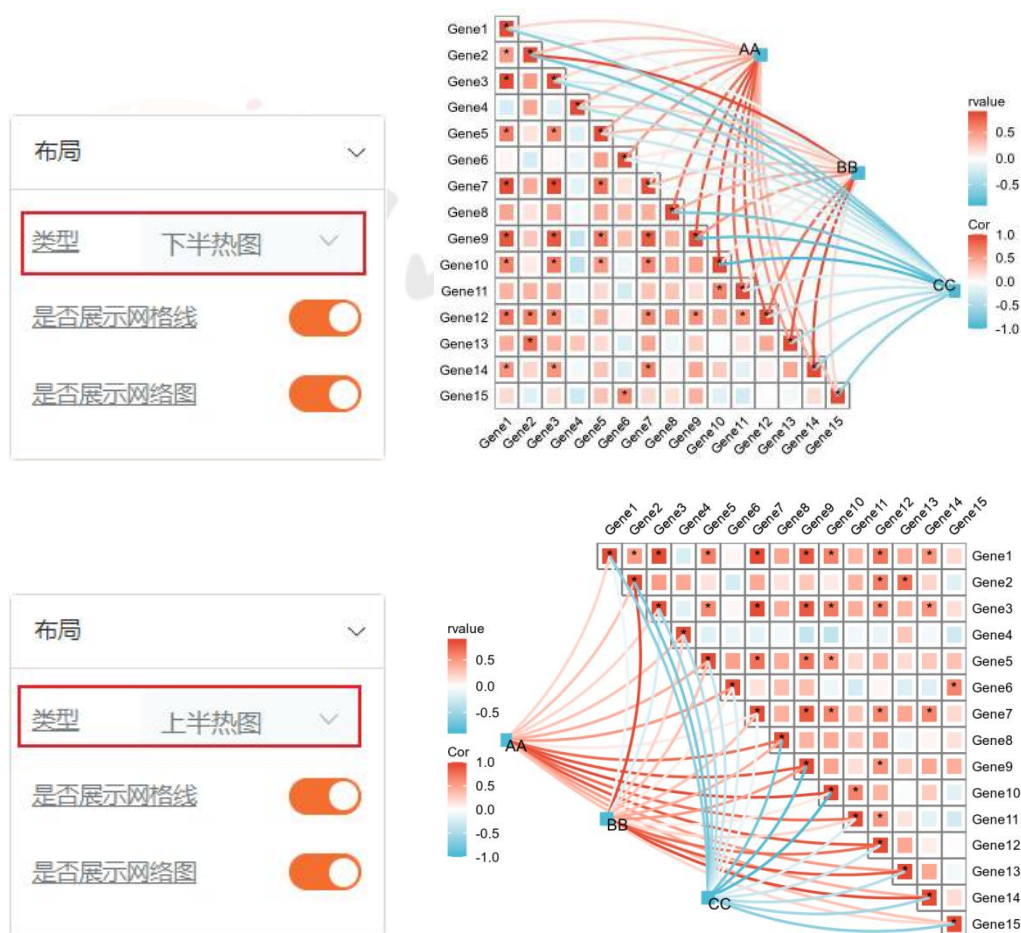
类型

下半热图

是否展示网格线

是否展示网络图

- 类型：对应热图部分可以选择热图的类型，默认为下半热图，还可以选择上半热图、完整热图，如下：



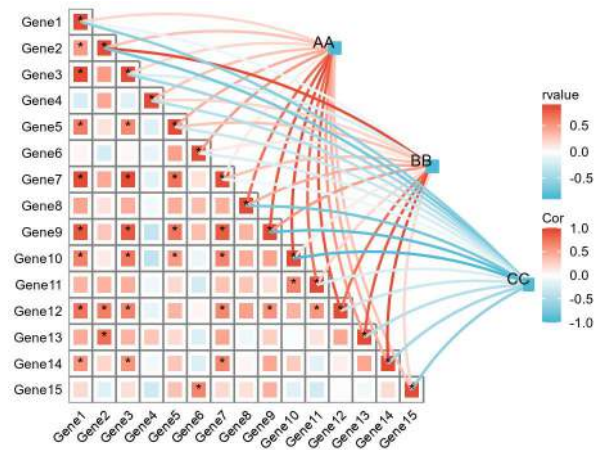
- 是否展示网格线：可以选择是否展示热图部分网格线，默认展示，如下：

布局

类型 下半热图

是否展示网格线 ☒

是否展示网络图 ☒

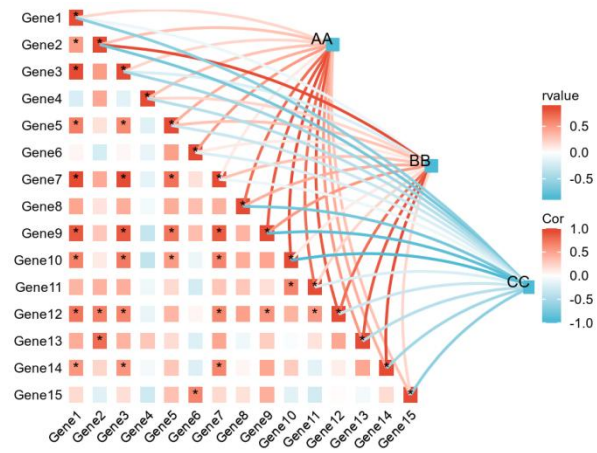


布局

类型 下半热图

是否展示网格线 ☐

是否展示网络图 ☒



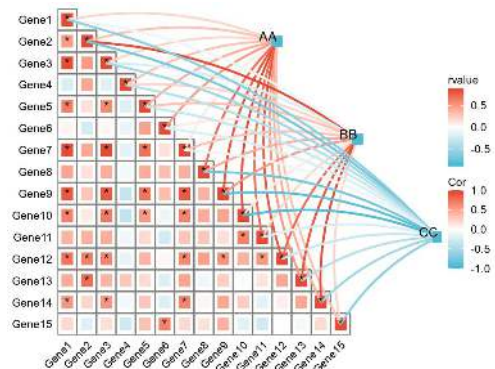
➤ 是否展示网络图：可以选择是否网络图部分内容，默认展示，如下：

布局

类型 下半热图

是否展示网格线 ☒

是否展示网络图 ☒

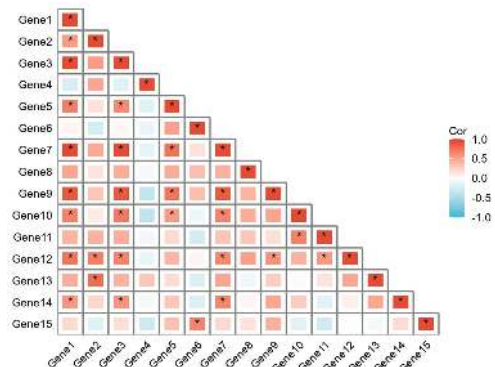


布局

类型 下半热图

是否展示网格线 ☒

是否展示网络图 ☐



热图

热图

类型

方块

上半(全)颜色

☒

☒

下半颜色

☒

☐

描边色

☒

描边粗细

0.00pt

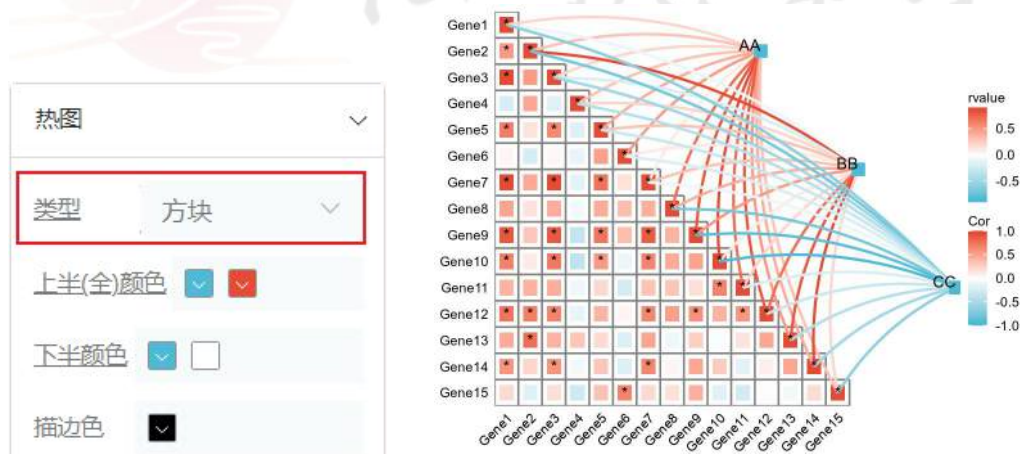
大小比例

0.6

不透明度

1

- 方块：可以选择热图中每个小块（一行一列）的类型，默认为方块，还可以选择圆形，三角对角线，如下：



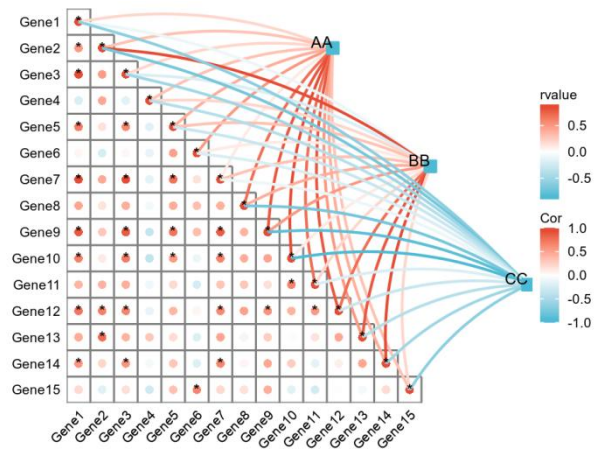
热图

类型 圆形

上半(全)颜色

下半颜色

描边色



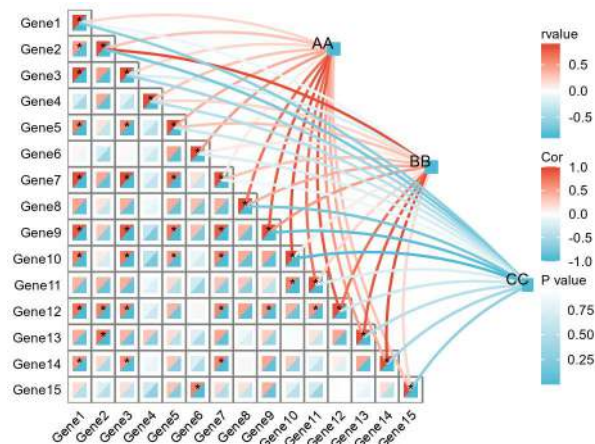
热图

类型 三角对角线

上半(全)颜色

下半颜色

描边色



- 上半（全）颜色：选择三角类型时可以修改对应方块上半部分颜色，其他类型则修改对应整个方块颜色
- 下半颜色：当选择三角类型时可以修改对应方块下半部分颜色，其他类型无法修改
- 描边颜色：可以修改热图对应方块的描边颜色
- 描边粗细：可以修改热图对应方块的描边粗细
- 大小比例：可以修改热图对应方块的大小比例，默认为 1
- 不透明度：可以修改热图对应方块的不透明度，默认为 1，表示完全不透明，0 表示完全透明

连线(网络)

连线(网络)

颜色

线条类型
 实线

线条粗细
 0.50pt

不透明度
 1

- 颜色：对应网络图部分内容，可以修改网络图部分线条颜色
- 线条类型：对应网络图部分内容，可以修改网络图部分线条类型
- 线条粗细：对应网络图部分内容，可以修改网络图部分线条粗细
- 不透明度：对应网络图部分内容，可以修改网络图部分线条不透明度，1 表示完全不透明，0 表示完全透明

点(网络)

点(网络) ▼

起点(网络)展示

☒

终点(网络)展示

☐

填充色

☒

描边色

☒

样式

正方形 ▼

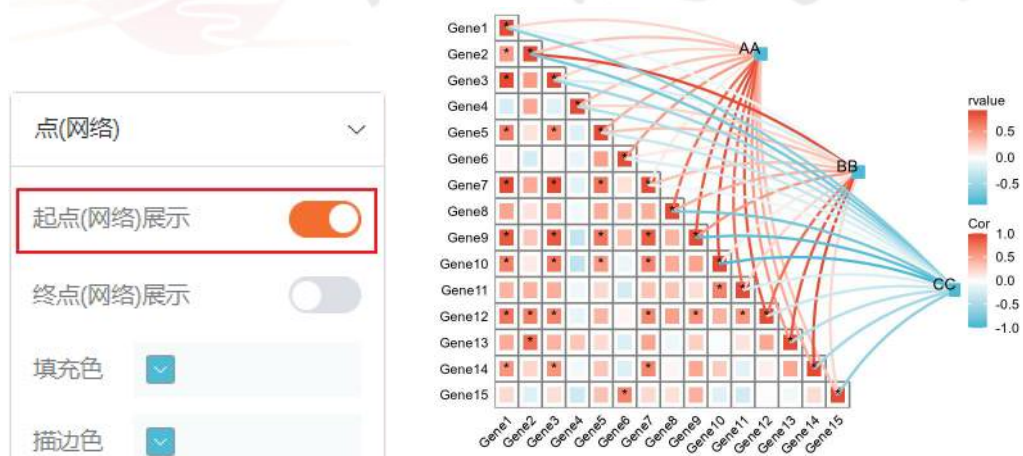
大小

2

不透明度

1

- 起点(网络)展示: 对应网络图部分, 可以选择是否展示网络图节点的起点图形, 默认展示, 如下:



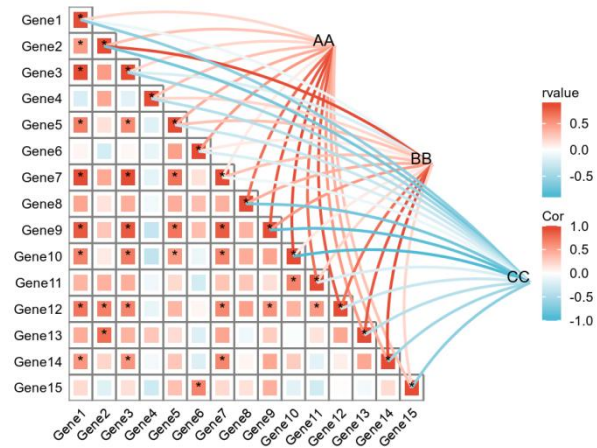
点(网络) ☐

起点(网络)展示 ☐

终点(网络)展示 ☐

填充色 ☒

描边色 ☒



- 终点(网络)展示: 对应网络图部分, 可以选择是否展示网络图节点的终点图形, 默认展示, 如下:

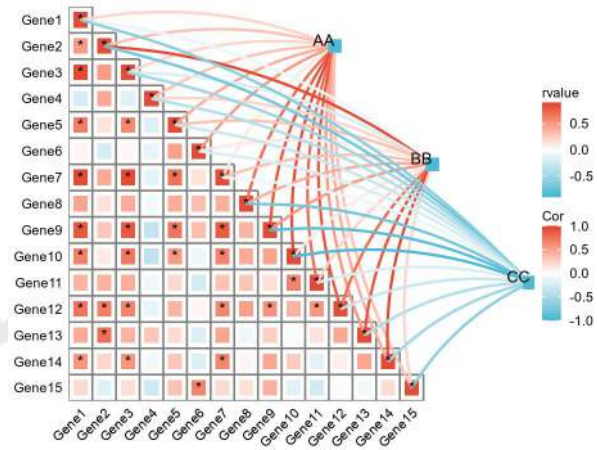
点(网络) ☐

起点(网络)展示 ☐

终点(网络)展示 ☐

填充色 ☒

描边色 ☒



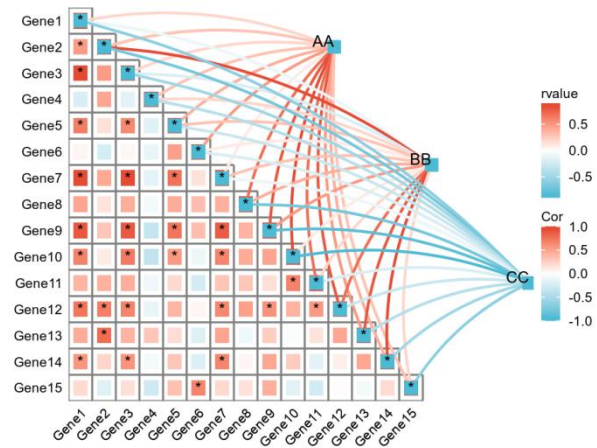
点(网络) ☐

起点(网络)展示 ☐

终点(网络)展示 ☐

填充色 ☒

描边色 ☒



- 填充色: 对应网络图部分, 可以修改网络图各节点的填充颜色
- 描边色: 对应网络图部分, 可以修改网络图各节点的描边颜色

- 样式：对应网络图部分，可以修改网络图各节点的样式，默认为正方形，还可以选择圆形、三角形、倒三角形、菱形
- 大小：对应网络图部分，可以修改网络图各节点的大小
- 不透明度：对应网络图部分，可以修改网络图各节点的不透明度，1 表示完全不透明，0 表示完全透明

标注



- 标注映射：对应热图部分，可以选择是否在热图矩阵对应的每一个小矩形上进行标注映射，默认为星号(*p<0.05)进行标注，还可以选择：如下：（第 1 个为(*p<0.05)映射，第 2 个为不映射）
 - 星号(*p<0.05|**p<0.01)
 - 星号(*p<0.05|**p<0.01|***p<0.001)
 - p 值(2 位小数)
 - 相关系数(2 位小数)
 - 无

标注

标注映射 星号(*p<0.05)

颜色 星号(*p<0.05)

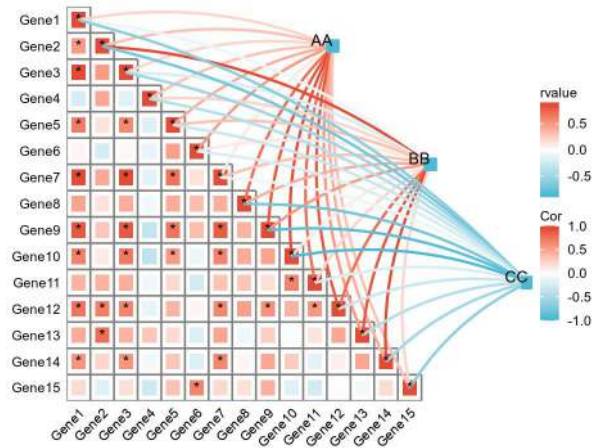
标注大小 星号(*p<0.05|**p<0.01)

星号(*p<0.05|**p<0.01|***p<0.001)

p值(2位小数)

相关系数(2位小数)

无



标注

标注映射 |5|**p<0.01)

颜色 星号(*p<0.05)

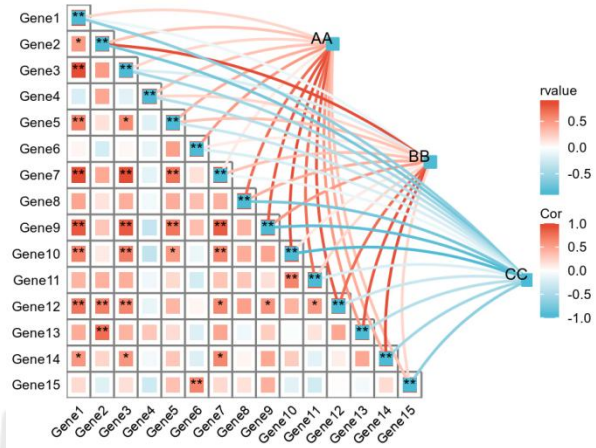
标注大小 星号(*p<0.05|**p<0.01)

星号(*p<0.05|**p<0.01|***p<0.001)

p值(2位小数)

相关系数(2位小数)

无

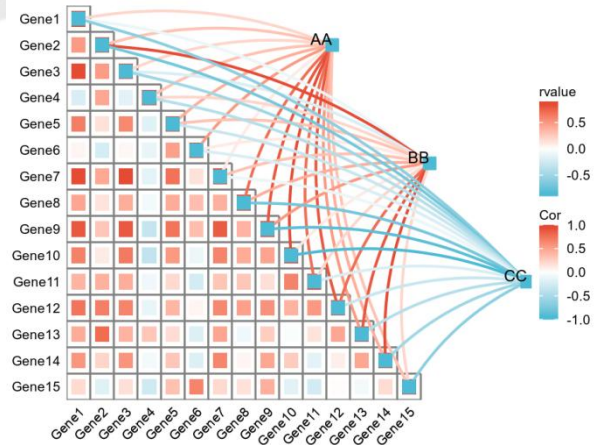


标注

标注映射 无

颜色

标注大小 6pt



- 颜色：可以选择当进行标注映射时，标注的颜色
- 标注大小：可以选择并修改标注的大小，默认为 6pt

标题文本

标题

大标题 大标题内容

- 大标题：大标题文本

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]]

图注

图注

是否展示 ☒

图注标题 图注标题内容

图注位置 默认

- 是否展示：可以选择是否展示图注信息，默认展示
- 图注标题：可以修改图注标题内容，默认没有
- 图注位置：默认为图片的右侧，还可以选择上、下

坐标轴



- x 轴标注旋转：可选择并修改 x 轴对应刻度文本的旋转角度

风格



- 网格：可以选择是否展示网格，默认不展示
- 文字大小：控制整体文字大小，默认为 6pt

图片

图片

▼

宽度 (cm)

10

高度 (cm)

6

字体

Arial

▼

- 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



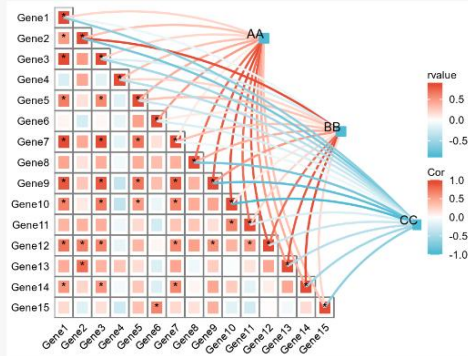
结果说明

主要结果

相关性网络热图

相关性网络热图: 网络连接图和热图的结合, 展示多个数据之间的关系

作用: 可以用于多组学关联分析, 同时展现组间/组内的相关性分析结果



[相关性网络热图.pdf](#)

[相关性网络热图.tiff](#)

[相关性网络热图.pptx](#)

主要结果解释:

1. 热图部分展示了表格1中的变量间的相关关系
2. 网络图展示了节点与热图中的变量之间的关系

补充结果

相关性分析

统计方法: spearman

表1: 相关系数表格

	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11	Gene12
Gene1		0.54	0.97	-0.23	0.695	0.0531	0.946	0.486	0.884	0.678	0.404	0.741
Gene2	0.54		0.531	0.478	0.158	-0.253	0.468	0.15	0.309	0.111	0.423	0.689
Gene3	0.97	0.531		-0.178	0.637	0.0411	0.945	0.442	0.878	0.712	0.439	0.667
Gene4	-0.23	0.478	-0.178		-0.184	-0.131	-0.156	-0.0704	-0.346	-0.372	-0.0928	-0.132
Gene5	0.695	0.158	0.637	-0.184		0.51	0.756	0.445	0.743	0.551	0.203	0.399
Gene6	0.0531	-0.253	0.0411	-0.131	0.51		0.155	0.354	0.357	-0.112	-0.262	0.0535
Gene7	0.946	0.468	0.945	-0.156	0.756	0.155		0.428	0.863	0.667	0.317	0.641
Gene8	0.486	0.15	0.442	-0.0704	0.445	0.354	0.428		0.409	0.455	0.305	0.514
Gene9	0.884	0.309	0.878	-0.346	0.743	0.357	0.863	0.409		0.493	0.17	0.586
Gene10	0.678	0.111	0.712	-0.372	0.551	-0.112	0.667	0.455	0.493		0.672	0.415
Gene11	0.404	0.423	0.439	-0.0928	0.203	-0.262	0.317	0.305	0.17	0.672		0.553

表2: 相关性检验表格

	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10	Gene11	Gene12
Gene1		0.0461	9.41e-09	0.43	0.00576	0.857	3.15e-07	0.0784	2.7e-05	0.00774	0.152	0.00242
Gene2	0.0461		0.0507	0.0841	0.589	0.383	0.0915	0.608	0.283	0.704	0.132	0.0064
Gene3	9.41e-09	0.0507		0.543	0.0143	0.889	3.62e-07	0.113	3.59e-05	0.00429	0.116	0.00916
Gene4	0.43	0.0841	0.543		0.53	0.655	0.594	0.811	0.226	0.191	0.752	0.652
Gene5	0.00576	0.589	0.0143	0.53		0.0624	0.00177	0.111	0.00232	0.041	0.487	0.158
Gene6	0.857	0.383	0.889	0.655	0.0624		0.597	0.215	0.21	0.703	0.366	0.856
Gene7	3.15e-07	0.0915	3.62e-07	0.594	0.00177	0.597		0.127	7.02e-05	0.00911	0.27	0.0135
Gene8	0.0784	0.608	0.113	0.811	0.111	0.215	0.127		0.147	0.102	0.288	0.0603
Gene9	2.7e-05	0.283	3.59e-05	0.226	0.00232	0.21	7.02e-05	0.147		0.073	0.56	0.0276
Gene10	0.00774	0.704	0.00429	0.191	0.041	0.703	0.00911	0.102	0.073		0.00845	0.14
Gene11	0.152	0.132	0.116	0.752	0.487	0.366	0.27	0.288	0.56	0.00845		0.0404
Gene12	0.00242	0.0064	0.00916	0.652	0.158	0.856	0.0135	0.0603	0.0276	0.14	0.0404	

相关性.xlsx

相关性系数表格:

1. 表中包含了各个变量间的相关系数(r)值, 相关系数一般是 -1到1 之间, 正负号表示正相关和负相关, 系数绝对值大小表示相关性大小
2. 一般关系强度是: $|r| > 0.95$: 显著性相关; $|r| \geq 0.8$: 高度相关; $0.5 \leq |r| < 0.8$: 中度相关; $0.3 \leq |r| < 0.5$: 低度相关; $|r| < 0.3$: 弱相关

相关性p值表格:

1. 表中包含了各个变量间的相关性的检验p值

这里提供相关性分析表: 可以查看变量之间的相关系数, 各个变量间的相关性的检验 p 值

- 相关系数为正数, 说明两个分子 (主要分子与其他分子) 之间可能存在正相关关系; 相关系数为负数, 说明两个分子可能存在负相关关系
- 相关系数绝对值在 0.8-1.0 之间, 说明两个分子之间强相关
- 相关系数绝对值在 0.5-0.8 之间, 说明两个分子之间中等程度相关
- 相关系数绝对值在 0.3-0.5 之间, 说明两个分子之间相关程度一般

- 相关系数绝对值在 0.0-0.3 之间，说明两个分子之间弱相关或者不相
- p 值表示检验 p 值



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：linkET（用于网络图数据部分计算），ggplot2 包（用于可视化）

处理过程：

- (1) 将上传数据进行清洗
- (2) 将清洗好的数据进行两两间相关性分析
- (3) 将分析得到的结果进行相关性热图和网络图可视化



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. 方法里面的 Spearman 和 Pearson 方法，应该选择哪一个？

答：两种方法均可以选择。Pearson 会要求数据是满足正态性，Spearman 因为是非参数的方法，可以不需要满足。可以先选择非参数的 Spearman 相关进行尝试。

2. 图的内容被压缩了，如何处理？

答：由于文字不会被压缩，如果热图部分很长，就可能会导致热图部分重叠。解决方案可以是：

- ① 增加图片高度；
- ② 减少分子列表中的分子。

3. 相关系数多少为好？

答：这个没有很统一的标准，可以参考以下：

- 相关系数强弱：
 - 绝对值在 0.8 以上：强相关
 - 绝对值在 0.5-0.8：中等程度相关
 - 绝对值在 0.3-0.5：相关程度一般
 - 绝对值在 0.3 以下：弱或者不相关