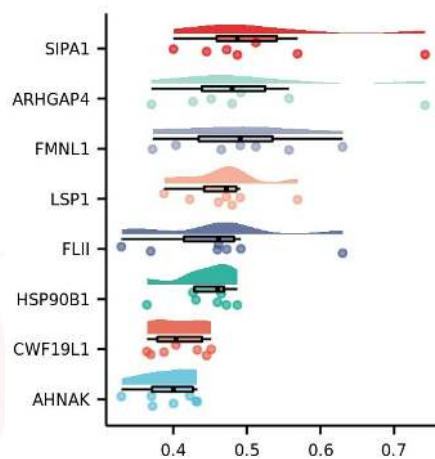


功能聚类 – Friends 分析



网址: <https://www.xiantao.love>



更新时间: 2023.12.07

目录

基本概念	3
应用场景	3
分析流程	4
主要结果	4
数据格式	5
参数说明	6
分子列表	6
云(半小提琴)	7
雨(点)	9
箱	10
误差线	11
标题	12
坐标轴	13
风格	14
图片	15
结果说明	16
主要结果	16
补充结果	16
方法学	18
如何引用	19
常见问题	20

基本概念

- Friends 分析：通过构建基因相互作用网络，利用网络拓扑结构参数计算每个基因的重要性，并进一步分析和预测不同基因在相关生物过程中的功能和调控机制，简而言之，就是从一堆差异基因中筛选出核心基因，并用云雨图进行可视化。
- 云雨图：主要由半小提琴图和散点图组成，形似“云雨”，还提供了箱线图和误差线图。主要用于数据描述，比较不同基因与其他基因的相似度的分布特征。

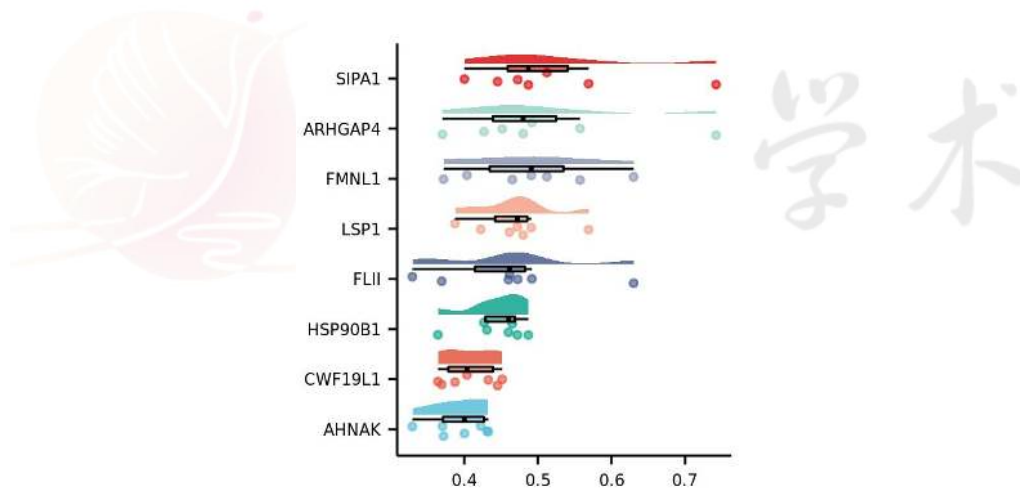
应用场景

从关注的一堆基因中根据基因相似度的大小筛选出核心基因。

分析流程



主要结果



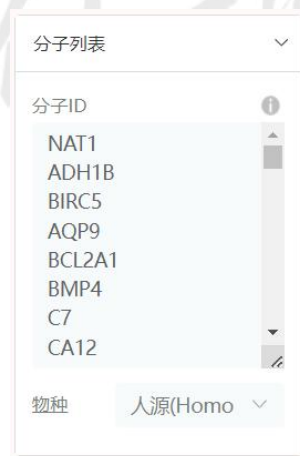
- 图中展示了8个基因分别与其他基因的相似度绘制的云雨图，最上边的基因表示和其它基因相似性最大，为关键基因。

数据格式

	A	B	C
1	id		
2	NAT1		
3	ADH1B		
4	BIRC5		
5	AQP9		
6	BCL2A1		
7	BMP4		
8	C7		
9	CA12		
10	CACNA1D		
11	CAMP		
12	CCNA2		
13	CCNB1		
14	CDK1		
15	CDC20		
16	CENPE		

数据要求提供 1 列：

- 第一列除了列名外，下面的可以是分子名、Ensembl 编号、Entrez ID
- 分子至少是 3 个以上，3 个以下无法进行 Friends 分析。
- 上传数据后，分子会出现在主要参数的 分子列表 的参数 分子 ID 中。



也可以直接将分子列表复制粘贴到上面的输入框内，每一行代表一个分子。

提醒：分子列表不是把所有的分子都放入，Friends 分析仅支持分析前 20 个分子。

参数说明

(说明：标注了颜色的为常用参数。)

分子列表



分子列表

分子ID

- NAT1
- ADH1B
- BIRC5
- AQP9
- BCL2A1
- BMP4
- C7
- CA12

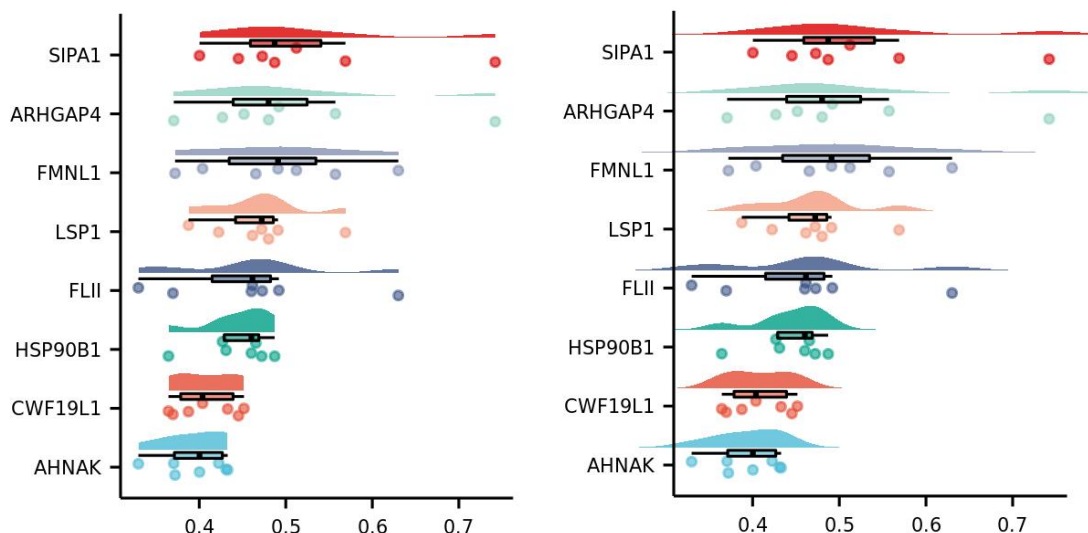
物种 人源(Homo)

- **分子 ID**：待分析的分子列表，可以直接从表格中复制分子到这里，类型支持 基因名 | Ensembl | Entrez ID 三类，输入的 ID 会自动转换成 Entrez ID 后进行 Frineds 分析。每一行代表一个分子。至少要 3 个分子及以上才能进行 Frineds 分析。
- 物种：物种选择，可以选择人源(Homo sapiens)、小鼠(Mus musculus)、大鼠(Rattus norvegicus)。

云(半小提琴)



- 截断：可选择是否展示截断(数据范围截断)后的数据。默认为截断， 还可以选择不截断，如下：左图为截断，右图为不截断
 - 截断：每个半小提琴的密度都是该组的数据范围内计算的，默认为截断
 - 不截断：即每个半小提琴的密度都是在整个数据范围内计算的



- 填充色：可以修改图中多边形的填充颜色，最多支持修改 10 个颜色，超出会使用随机颜色。受配色方案全局性修改。
- 描边色：可以修改图中多边形描边的颜色，默认黑色。

- 描边粗细：可以修改图中多边形描边的线条粗细，默认 0.00pt。
- 不透明度：可以修改图中多边形的不透明度，1 表示完全不透明。
- 宽度：可以修改图中多边形的宽度，默认为 0.8。



雨(点)



- 填充色：可以修改图中点的填充颜色，最多支持修改 10 个颜色，超出会使用随机颜色。受配色方案全局性修改。
- 描边色：可以修改图中点的描边颜色，最多支持修改 10 个颜色，超出会使用随机颜色。受配色方案全局性修改。
- 样式：可以修改图中点的形状，默认圆形。
- 大小比例：可以修改图中点的大小，默认 0.8。
- 不透明度：可以修改图中点的不透明度，1 表示完全不透明。
- 抖动宽度：可以修改图中点的抖动宽度，0 表示完全不抖动。

箱

箱

展示箱子

展示离群点

填充色

描边色

描边粗细

不透明度

宽度

- 展示箱子：可选择是否展示箱线图。注意：箱线图和误差线图不能同时展示。
- 展示离群点：可选择是否展示离群点。
- 填充色：可以修改图中箱子的填充颜色，最多支持修改 10 个颜色，超出会使用随机颜色。受配色方案全局性修改。
- 描边色：可以修改图中箱子的描边颜色，默认黑色。
- 描边粗细：可以修改图中箱子的描边线条粗细，默认 0.75pt。
- 不透明度：可以修改图中箱子的不透明度，1 表示完全不透明。
- 宽度：可以修改图中箱子上下宽度（因为默认 xy 轴颠倒，所以是上下的宽度）。

误差线

误差线

展示误差线

类型

均值±标准误

颜色

粗细

0.50pt

宽度

0.1

点大小

0.6

点颜色

- 展示误差线：可选择是否展示误差线。注意：需要同时关掉箱线图的展示。
- 类型：可选择均值±标准误(SEM)、均值±标准差(SD)、中位数~上下四分位，默认均值±标准误(SEM)。
- 颜色：可以选择并修改误差线的颜色。
- 粗细：可以选择并修改误差线的粗细。
- 宽度：可以选择并修改误差线两端的宽度。
- 点大小：可以选择并修改的点的大小，默认为 0.6。
- 点颜色：可以选择并修改点的颜色，默认为黑色。

标题

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轴分组名 ,+空格隔开

x轴标注旋转 0

y轴范围+刻度 内容用','+空格隔

- x 轴分组名：可以修改 x 轴分组名字，每个组的名字需要用英文逗号隔开，因为默认颠倒 xy 轴，所以修改了 y 轴刻度对应的分组名，例如：



- x 轴标注旋转：可以选择设置 x 轴标注的倾斜角度。
- y 轴范围+刻度：用于修改 y 轴范围以及刻度，如果需要分割，需要用英文的小括号隔开，数值间需要用英文逗号隔开，例如(1,1,2,5,10,10)。如果调整过大可能会无作用

风格



- 边框：可以选择是否进行添加图形边框的操作。
- 网格：可以选择是否进行添加图形网格的操作。
- xy 颠倒：可以选择是否颠倒 xy 轴，默认颠倒 xy 轴。
- 文字大小：控制整体文字大小，默认为 6pt。

图片

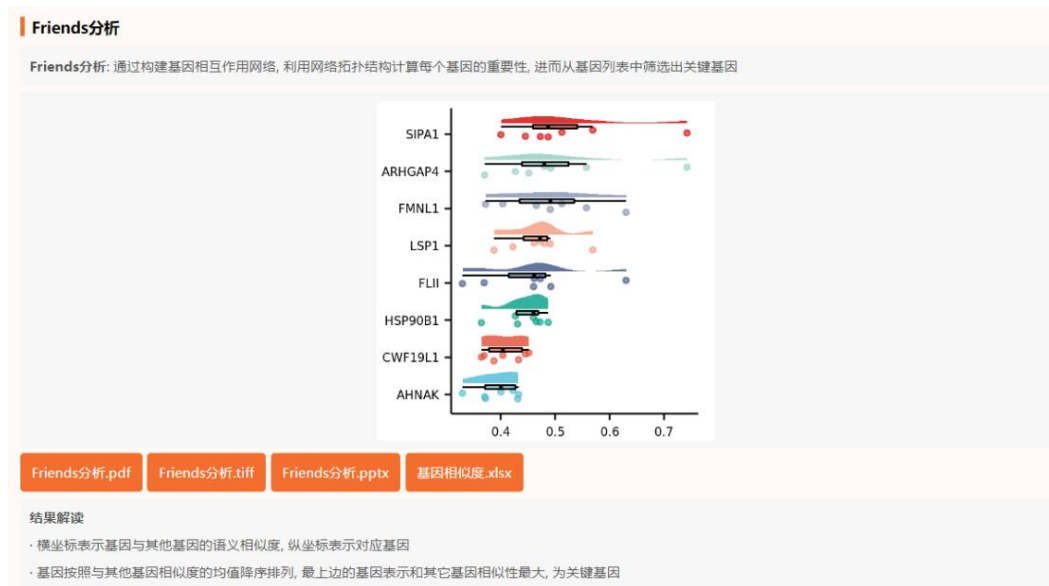


- 宽度：图片横向长度，单位为 cm。
- 高度：图片纵向长度，单位为 cm。
- 字体：可以选择图片中文字的字体。



结果说明

主要结果



主要结果格式为图片格式, 提供 PDF、TIFF、PPTX 格式下载, 并提供基因相似度 EXCEL 格式下载。

补充结果

ID转换情况

输入的分列表会先转成Entrez id后再进行后续分析

输入ID总数	成功转化的ID总数	转换比例(%)
8	8	100

ID转换情况.xlsx

一共输入了8个ID, 其中成功转换8个Entrez ID, 转换的百分比为100 (备注: 这里转换id用到的R包是org.Hs.eg.db)

此表格提供 ID 转换情况, 上传的分子都会换成 Entrez ID, 只要转换 ID 个数大于 3 即可, 提供 Excel 格式下载。

基因相似度

每个基因跟其他基因相似度的平均值

Gene	Mean
SIPA1	0.51843
ARHGAP4	0.50294
FMNL1	0.49028
LSP1	0.46912
FLII	0.45941
HSP90B1	0.44388
CWF19L1	0.40789
AHNAK	0.3941

[基因相似度.xlsx](#)

基因相似度越大, 说明该基因与其他基因相关性越强, 越有可能具有关键作用

此表格提供基因与其他基因相似度的均值, 且表格结果为基因相似度均值降序排序。基因相似度越大, 说明该基因与其他基因相关性越强, 越有可能具有关键作用。



方法学

软件：R (4.2.1)版本

R 包：GOSemSim[2.22.0]

处理过程：

对输入的分子列表进行 ID 转换后，用 GOSemSim 包进行 Friends 分析。



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. Friends 分析需要输入的内容?

答:

一般是需要筛选核心基因的基因列表。

2. 为什么上传了很多分子，分析结果却很少?

答:

Friends 分析只支持分析 20 个分子。

3. 结果的排序规则是什么?

答:

结果是按照基因与其他基因相似度均值降序排序的。

4. 为什么有的分子没有分析结果?

答:

- 上传数据表格一定要有**列名**，否则会将第一个分子当作列名，不纳入后续分析。
- 上传分子会先经过 ID 转换，未匹配到相应 **Entrez id** 结果的分子会被过滤掉，不进入后续分析。
- 上传分子会进行 GO 条目注释，如果某个分子未注释到 GO 条目，会过滤掉该分子，不纳入后续分析。
- 上传分子仅会将**前 20 个**分子纳入 Friends 分析。