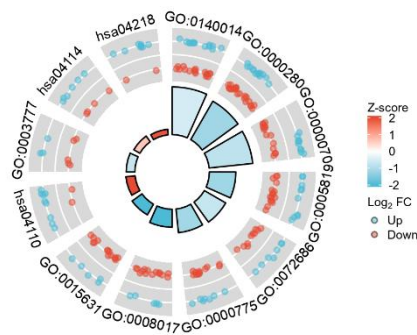


功能聚类 – GOKEGG 联合 FC 圈图



网址: <https://www.xiantao.love>



更新时间: 2023.02.21

目录

基本概念	3
应用场景	4
主要结果	5
云端数据	7
参数说明	8
ID 列表	8
样式	9
柱	10
点	11
标题	12
图注(Legend)	12
风格	13
图片	13
结果说明	14
主要结果	14
补充结果	15
方法学	16
如何引用	17
常见问题	18

基本概念

- 富集分析：简单而言，就是取一部分有功能注释的分子与所有有功能注释的分子去比较（超几何分布检验），确定这一部分分子中都涉及了哪些功能作用。注意：单独几个分子做富集分析意义并不大。
- GO (Gene Ontology, 基因本体) 数据库：把基因的功能分成了三类：生物过程 (biological process, BP)、细胞组分 (cellular component, CC)、分子功能 (molecular function, MF)。利用 GO 数据库，可以得到目标基因在 CC, MF 和 BP 三个层面上有什么关联。
- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 数据库：一种通路数据库，收集了很多通路相关的数据库。通路数据库还包括 wikipathway, reactome 等。
- 超几何分布检验：超几何分布 (hypergeometric) 是统计学上一种离散概率分布。它描述了在 N 个物件中指定 M 个种类的物件，不放回的抽取 n 个，成功抽中指定类型物件的个数 (k) 的事件。
- 富集分析联合 logFC：就是在富集分析的基础上，利用提供的分子的 logFC，计算每个条目对应的 zscore，初步判断对应的条目是正调节 (zscore 为正) 还是负调节 (zscore 为负)。zscore 计算方法见下：

$$zscore = \frac{(Up - Down)}{\sqrt{Counts}}$$

- 其中，这里的 Up Down 代表对应条目分子的 logFC 为正以及为负分别对应数量，Counts 代表条目对应的分子总数（这里不是指 Z-score 标准化，是 GOplot 包所使用的概念和提供的方法）

（注意：相对于 GOKEGG 富集分析模块，这个模块只是在同样的富集方法的基础上，另外再计算了每个条目对应的 zscore 值）

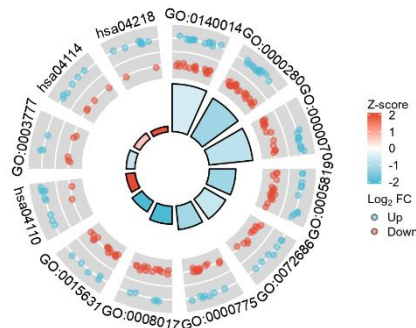
应用场景

本模块为【GO|KEGG 联合 FC】富集分析后结果的可视化展示。

注意：模块需要先进行【GO|KEGG 联合 FC】富集分析并保存结果后，此处的云端数据才会有结果记录，然后才能进行可视化的操作。主要基本参数中有 ID 列表 输入框，可以将对应云端数据记录的富集分析表格中的感兴趣的 ID 列复制到此处，进行可视化。



主要结果



通过圈图展示 GOKEGG 联合 FC 富集分析结果。

圈图分为内圈和外圈两个部分,除了展示条目所对应的富集结果数据(柱子高低),还同时展示每个条目对应的分子的 logFC 情况(点的颜色和高低):

- 内圈的每个柱子对应一个条目,高度为为所选择的 y 轴映射 内容。(如上图,对应校正后 p 值(padj)), 注意统计检验值均做 $-\log_{10}(\text{value})$ 处理(如柱子越高说明对应 ID 的可靠性越高, p 值越小)。
- 柱子的颜色为所选择的 颜色映射 内容。(如上图,对应 zscore 值)

■ zscore 的计算方法来自 GOplot 包,计算方法见下:

$$zscore = \frac{(\text{Up} - \text{Down})}{\sqrt{\text{Counts}}}$$

其中,这里的 Up Down 代表对应条目分子的 logFC 为正以及为负分别对应数量, Counts 代表条目对应的分子总数。

- 如果 zscore 为正,说明对应的条目可能是正调节,如果为负,对应条目可能是负调节;绝对值越大,说明高表达分子和低表达分子的数量差相比较较大,说明调节程度可能更高。

注意, zscore 仅仅只能作为一种可能性参考,因为计算的方法中,是没有考虑条目内的分子对这个条目是正调节还是负调节(GOKEGG 库里面也并没

有记录每个条目每个分子是对这个条目是正还是负调节的数据信息，这个是没有办法合并进去计算的)

- **外圈**为条目中包含的分子，不同的高度代表对应的 $\log FC$ 值大小，同时 $\log FC$ 为正的分子被标记成 Up, $\log FC$ 为负的分子被标记成 Down, 以不同的颜色填充。

默认展示各类别的 top 几个结果（默认 满足校正后 p 值 <0.05 ）。可以挑选在满足阈值下的 top 的类目，或者一些感兴趣的类目。



云端数据

云端数据

	记录名称	来源模块	时间	补充说明
<input checked="" type="checkbox"/>	GOKEGG联合FC	GOKEGG联合FC @1.0	2023-02-13 11:22:56	数据记录可以在历史记录中找到

这里的云端数据与历史记录汇总【GOKEGG 联合 FC】富集分析模块的数据记录是保持一致的，可以在历史记录中找到相应的数据记录。

根据需要可视化的项目 选择好对应的云端数据记录。默认使用最近生成的分析记录。



参数说明

(说明：标注了颜色的为常用参数。)

ID 列表



- 标注 ID: 输入想要可视化的功能或者通路的条目 ID，默认为对应云端数据结果中每个类目的前几个条目，可以根据需要进行输入修改。注意：输入的 ID 来自所选云端数据记录的结果，需要先在历史记录中找到对应的记录，下载 excel 结果，复制想要展示的 ID 到这个输入框中，一行代表一个。最多支持 1 张图同时绘制 18 个类目。

样式

样式

ID展示

ID号

y轴映射

校正后p值(p

颜色映射

zscore值

- ID 展示：ID 名称过长时，可以根据需要选择换行模式。可选择 ID 号、全名(自动换行)、全名(一行 20 长度)、全名(一行 30 长度)、全名(一行 40 长度)、全名(一行 50 长度)、全名(一行 60 长度)、全名(一行 70 长度)、全名(一行 80 长度)、全名(不换行)。
- y 轴映射：主要影响内圈柱子（高度）的取值，具体数值可以通过[历史记录](#)中找到对应的记录，[下载 excel 结果查看](#)。可选择 基因比例(GeneRatio)、p 值(pvalue)、校正后 p 值(padj)、q 值(qvalue)(错误率)、包含 ID 的数量。
- 颜色映射：主要影响内圈柱子的颜色范围，[注意映射内容的数值类型，数值型数据为渐变色，分类型数据为单个颜色](#)。可选择 zscore 值、p 值(pvalue)、校正后 p 值(padj)、q 值(qvalue)(错误率)、类别(Ontology)。

柱



柱

填充色: [Color Selection Icons]

描边色: [Color Selection Icons]

描边粗细: 0.75pt

不透明度: 1

宽度: 0.8

- **填充色**: 柱子的填充色颜色选项，取决于 **颜色映射** 参数所选择的内容，展示数值型内容时，修改第一和第二色卡作为数值从小到大的渐变色；展示分类型内容（如 类别）时，有多少个功能类别会提取多少个颜色，最多支持修改 4 个颜色。受配色方案全局性修改。
- **描边色**: 柱子的描边色颜色选项，只能通过第一色卡进行全局修改。默认黑色，**不受配色方案全局性修改**。
- **描边粗细**: 柱子描边的粗细，默认为 0.75pt。
- **不透明度**: 柱子的透明度。0 为完全透明，1 为完全不透明。
- **宽度**: 柱子的宽度。

点

点 ▼

填充色

▼
▼

描边色

▼
▼

样式

圆形 ▼

大小

1

不透明度

0.5

- **填充色**：点的填充色颜色选项，展示分子对应的 logFC 情况，第一色卡对应 logFC 为正的分子(Up)，第二色卡对应 logFC 为负分子(Down)。受配色方案全局性修改。
- **描边色**：点的描边色颜色选项，展示分子对应的 logFC 情况，第一色卡对应 logFC 为正的分子(Up)，第二色卡对应 logFC 为负分子(Down)。受配色方案全局性修改。
- **样式**：点的样式类型，可选择 圆形、正方形、菱形、三角形、倒三角。[单选，选择后全局修改](#)。
- **大小**：点的相对大小。
- **不透明度**：点的透明度。0 为完全透明，1 为完全不透明。

标题



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(Legend)



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：是否展示图注
- 图注标题：可以添加图注标题
- 图注位置：可选择 默认、右、上、右上、右下。

风格



Style configuration panel with two settings:

- 风格 (Style): A dropdown menu.
- 文字大小 (Text Size): A dropdown menu set to 7pt.

- 文字大小：针对图中图例文字的大小控制

图片

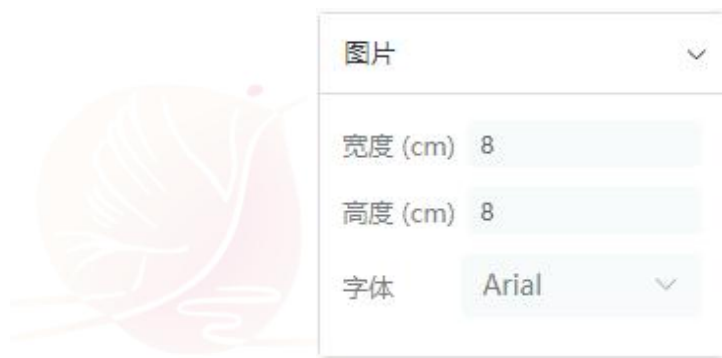


Image configuration panel with three settings:

- 图片 (Image): A dropdown menu.
- 宽度 (cm) (Width (cm)): A text input field set to 8.
- 高度 (cm) (Height (cm)): A text input field set to 8.
- 字体 (Font): A dropdown menu set to 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



主要结果格式为图片格式，提供 PDF、TIFF 和 PPTX 格式下载，结果报告可以下载包括 pdf 以及说明文本的内容。

补充结果

可视化ID

当前模块可视化所选ID

ONTOLOGY	ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adjust	qvalue	geneID
BP	GO:0140014	mitotic nuclear division	31/197	293/18800	2.61e-22	7.82e-19	6.71e-19	BMP4/CCNB1/CDC20/...
BP	GO:0000280	nuclear division	35/197	446/18800	8.47e-21	1.27e-17	1.09e-17	BMP4/CCNB1/CDC20/...
BP	GO:0000070	mitotic sister chromatid se...	24/197	171/18800	2.26e-20	1.83e-17	1.57e-17	CCNB1/CDC20/CENPE...
CC	GO:0005819	spindle	26/203	402/19594	9.72e-14	2.88e-11	2.53e-11	BIRC5/CCNB1/CDK1/...
CC	GO:0072686	mitotic spindle	17/203	160/19594	8.73e-13	1.29e-10	1.14e-10	CDK1/CENPE/KIF11/...
CC	GO:0000775	chromosome, centromeric r...	19/203	227/19594	2.81e-12	2.77e-10	2.44e-10	BIRC5/CCNB1/CENPE...
MF	GO:0008017	microtubule binding	19/192	272/18410	7.14e-11	3.28e-08	3e-08	BIRC5/CENPE/KIF11...
MF	GO:0015631	tubulin binding	19/192	376/18410	1.57e-08	3.6e-06	3.3e-06	BIRC5/CENPE/KIF11...
MF	GO:0003777	microtubule motor activity	8/192	67/18410	4.66e-07	6.74e-05	6.18e-05	CENPE/KIF11/KIFC1...
KEGG	hsa04110	Cell cycle	11/95	126/8164	1.99e-07	4.18e-05	3.98e-05	CCNA2/CCNB1/CDK1/...
KEGG	hsa04114	Oocyte meiosis	10/95	131/8164	2.55e-06	0.0003	0.0003	CCNB1/CDK1/CDC20/...
KEGG	hsa04218	Cellular senescence	10/95	156/8164	1.22e-05	0.0009	0.0008	CACNA1D/CCNA2/CCN...

GOKEGG可视化ID.xlsx GOKEGG可视化ID.docx

此表格提供当前可视化的 GOKEGG 联合 FC 富集分析结果, 提供 Excel、Docx 格式下载。



方法学

所有分析和可视化均在 R 4.2.1 中进行

涉及的 R 包：ggplot2 包（用于可视化）

处理过程：使用 ggplot2 包对富集分析结果进行可视化。



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. 图中标注的 ID 能否更换别的 ID? 可视化结果的 ID 从哪里获得?

答:

在“ID 列表”选项卡中，有标注 ID 的输入框：



选项框内默认选择对应云端记录结果中前几个条目，可以在此处选择想要可视化的 ID。



注意：输入的 ID 来自所选云端数据记录的结果，需要先在历史记录中找到对应的记录，下载 excel 结果，复制想要展示的 ID 到这个输入框中，一行代表一个。最多同时支持 18 个。GOKEGG 联合 FC 气泡图展示的是所有的富集结果，需要标注的 ID 通过输入框修改。

	A	B	C	D
1	ONTOLOGY	ID	Description	GeneRatio
2	BP	GO:0140014	mitotic nucle	31/197
3	BP	GO:0000280	nuclear divis	35/197
4	BP	GO:0000070	mitotic siste	24/197
5	BP	GO:0048285	organelle fiss	36/197
6	BP	GO:0000819	sister chrom	25/197
7	BP	GO:0007059	chromosome	28/197
8	BP	GO:1902850	microtubule	20/197
9	BP	GO:0098813	nuclear chro	25/197
10	BP	GO:0007052	mitotic spinc	17/197
11	BP	GO:0007051	spindle organ	19/197

ID列表
标注ID
GO:0140014
GO:0000280
GO:0000070
GO:0048285
GO:0000819
GO:0007059
GO:1902850
GO:0098813

2. 为什么出来的图中少了 KEGG (或者 BP 或者 CC 或者 MF)，明明已经选了 GO+KEGG? (为什么出来的图里面某个分类只有 1 个或者没有?)

答:

GOKEGG 可视化模块仅仅只是对已经完成 GOKEGG 富集分析的数据进行可视化，如果对应保存的数据中就不存在某些类（没有富集出来某些类），可视化是不可能会有这些类的。而在 GOKEGG 富集分析模块中，最终的结果表格只保留了满足较宽的阈值 ($p < 0.1$ 以及 $qvalue < 0.2$) 的结果，而不满足这一较宽阈值下的条目都会被过滤，如果整个类 (BP、CC、MF、KEGG) 都不满足这个阈值，那么最终的表格中就会缺少这个类。

可以先检查 GOKEGG 富集分析的结果，在历史记录中找到保存的记录：

工具首页 分析工具 历史记录 拼图工具

历史记录中超过30天的记录会自动清理!

批量删除 刷新

ID	名称	模块	状态	类型	时间	操作
1	GOKEGG联合FC	GOKEGG联合FC	完成	表格		GOKEGG联合logFC.xlsx GOKEGG联合logFC.docx ID转换情况.xlsx 下载整份报告

下载 | 查看

3. 能否上传自己的富集数据进行可视化?

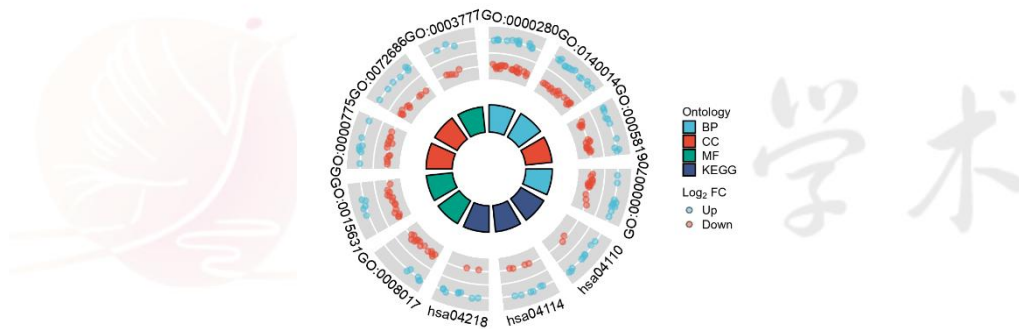
答:

这个模块没有办法上传自己的数据,也没有对应的上传数据版本(因为要求的数据比较特殊)。

4. 如何修改展示的数据?

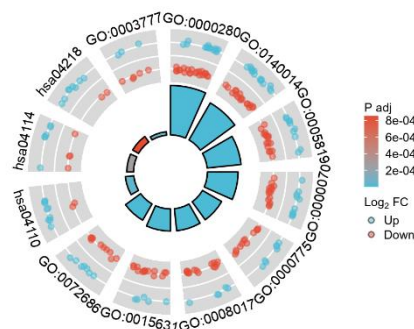
答:

可以通过样式中的 **y 轴映射** 和 **颜色映射** 参数,下拉框选择 GOKEGG 富集分析结果中不同的结果指标进行展示。



上图: y 轴映射 - 基因比例(GeneRatio), 颜色映射 - 类别(Ontology)

注意: 内圈柱子高度没有变化时,可能是因为数值太小导致



上图: y 轴映射 - 包含 ID 的数量, 颜色映射 - 校正后 p 值(padj)

5. 能否上传自己的富集数据进行可视化?

答:

这个模块没有办法上传自己的数据,也没有对应的上传数据版本(因为要求的数据比较特殊)。

6. 结果中 zscore 是什么,这个值能说明什么?

答:

zscore 的计算方法来自 GOplot 包,计算方法见下:

$$zscore = \frac{(Up - Down)}{\sqrt{Counts}}$$

其中,这里的 Up Down 代表对应条目分子的 logFC 为正以及为负分别对应数量,Counts 代表条目对应的分子总数。

如果 zscore 为正,说明对应的条目可能是正调节,如果为负,对应条目可能是负调节;绝对值越大,说明高表达分子和低表达分子的数量差相对比较大,说明调节程度可能更高。

注意,GOplot 提供的计算 zscore 方法是没有考虑分子在对应的条目里面是对这个条目正调节还是负调节的,也就存在如果有低表达的负调节的分子,在 zscore 里面是记为 down,但是因为负负得正,应该是对这个条目正调节,记为正才合理。GOplot 就只是提供了这个计算方法,而且 GOKEGG 库里面也并没有记录每个条目每个分子是对这个条目是正还是负调节的数据信息,尚且都还达不到这个粒度,所以这个 zscore 仅仅只能作为一种可能性参考。