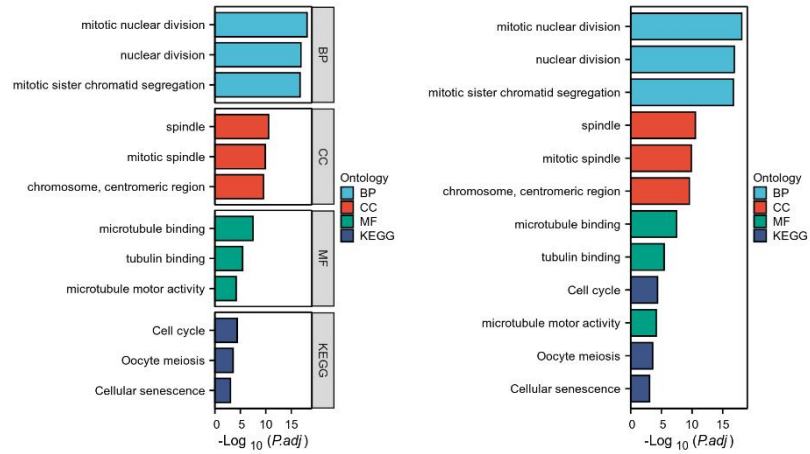


## 功能聚类 – GOKEGG 柱状图



网址: <https://www.xiantao.love>



更新时间: 2023.02.10

## 目录

基本概念 .....	3
应用场景 .....	3
主要结果 .....	4
云端数据 .....	5
参数说明 .....	6
ID 列表 .....	6
样式 .....	7
柱 .....	8
分面 .....	9
标题 .....	9
图注(Legend) .....	10
坐标轴 .....	11
风格 .....	12
图片 .....	12
结果说明 .....	13
主要结果 .....	13
补充结果 .....	14
方法学 .....	15
如何引用 .....	16
常见问题 .....	17

## 基本概念

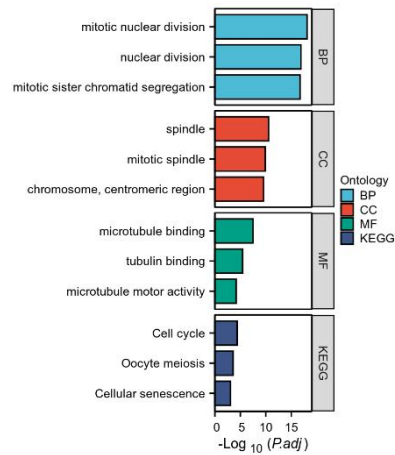
- 富集分析：简单而言，就是取一部分有功能注释的分子与所有有功能注释的分子去比较（超几何分布检验），确定这一部分分子中都涉及了哪些功能作用。注意：单独几个分子做富集分析意义并不大。
- GO (Gene Ontology, 基因本体) 数据库：把基因的功能分成了三类：生物过程 (biological process, BP)、细胞组分 (cellular component, CC)、分子功能 (molecular function, MF)。利用 GO 数据库，可以得到目标基因在 CC, MF 和 BP 三个层面上有什么关联。
- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes 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。

## 应用场景

本模块为 GO|KEGG 富集分析后结果的可视化展示。

注意：模块需要先进行 GO|KEGG 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 列复制到处，进行可视化。

## 主要结果



通过柱状图展示 GOKEGG 富集分析结果。

- 纵坐标为类目名称, 横坐标为所选择的 y 轴映射 内容。(如上图, 对应校正后 p 值(padj), 注意绘图的默认风格为 xy 轴颠倒)
- 图中柱子的高度和排列, 表示需要进行可视化的类目, 按照所选择的 y 轴映射 内容进行排序后的结果, 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), 展示的数值都是从小到大排列。
- 图中柱子的颜色为所选择的 颜色映射 内容。(如上图, 对应类别(Ontology), 注意有分面参数)

默认展示各类别的 top 几个结果 (默认 满足校正后 p 值 $<0.05$ ), 分面是对应的数据库或者分类。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	GOKEGG富集分析 @1.0	2023-02-06 16:14:19	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 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



- 可视化 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 20 个类目。

## 样式

样式

ID展示

全名(自动换行)

y轴映射

校正后p值(p)

颜色映射

类别(Ontology)

- ID 展示：ID 名称过长时，可以根据需要选择换行模式。可选择 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)、ID 号。
- y 轴映射：主要影响 y 轴（默认横坐标）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 p 值(pvalue)、校正后 p 值(padj)、q 值(qvalue)(错误率)、类别(Ontology)、无。

## 柱

柱

填充色

描边色

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。



## 分面

分面

分面映射

类别(Ontolo)

分面方向

按列

分面颜色

☐
☐
☐
☐

文字大小

6pt

- **分面映射**：主要影响图形的分面展示，默认按照类别（对应的数据库或者分类）分面。可选择 类别(Ontology)、不映射。
- 分面方向：按照什么方式排列分面。可选择 按列、按行。
- 分面颜色：分面的标题背景色颜色选项，当 **分面映射** 参数为类别时，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。默认灰色，**不受配色方案全局性修改**。
- 文字大小：分面标题的文字大小。

## 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]]。

## 图注(Legend)



- 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、下。

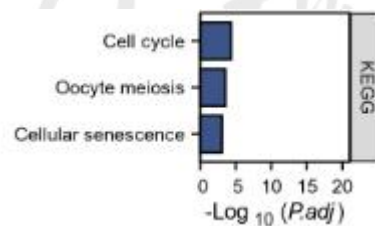
## 坐标轴

坐标轴

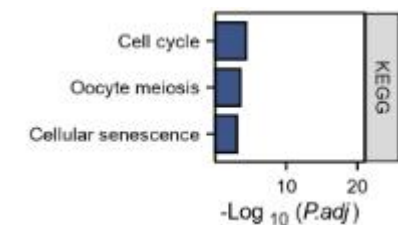
x轴标注旋转
0

主要图对应的y轴范围+刻度
逗号隔开

- x 轴标注旋转：支持对 x 轴文字进行旋转。适合于 x 轴文字过长的时候。（注意无论是否进行 xy 颠倒，均修改图形横坐标）
- 主要图对应的 y 轴范围+刻度：（默认对应横坐标，注意：范围的修改如果超过原本值范围的 20% 会失效）
  - 如果只是想要修改范围，可以只输入两个范围值，比如 0,20



- 如果同时想要修改范围+刻度，可以输入比如：0,10,20,20。注意，此时最大和最小值会被当做范围值，不会作为刻度，如果需要刻度，需要类似于 20 那样同时写两次。



## 风格



- 外框：是否添加外框
- 网格：是否添加网格
- Xy 颠倒：可以颠倒 xy 轴，[注意默认 颠倒](#)。
- 文字大小：针对图中所有文字整体的大小控制

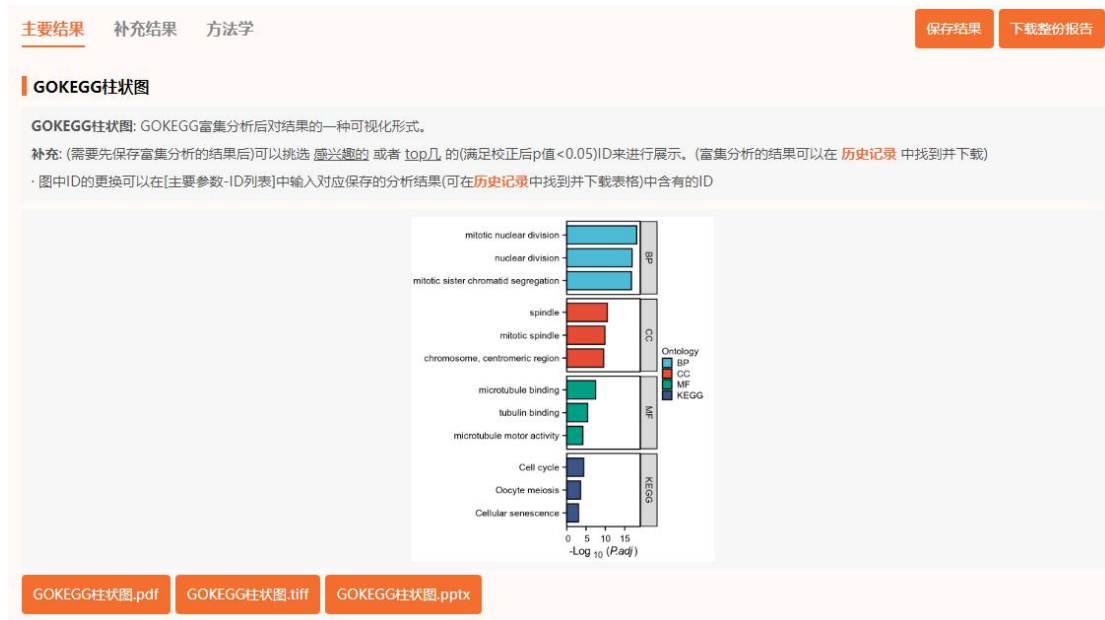
## 图片



- 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 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 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](http://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. 可视化结果能否更换别的 ID? 可视化结果的 ID 从哪里获得? 为什么某个条目 (BP、CC、MF、KEGG) 只有 3 个?

答:

在“ID 列表”选项卡中, 有可视化 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 20 个。

	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 fise	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
可视化ID
GO:0072686
GO:0000775
GO:0008017
GO:0015631
GO:0003777
hsa04110
hsa04114
hsa04218

## 2. 要选择哪些 ID 来进行可视化?

答:

可以对应云端记录表格中的各个分类的 TOP 几条目,也可以是自己感兴趣的想要展示的条目。

## 3. 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

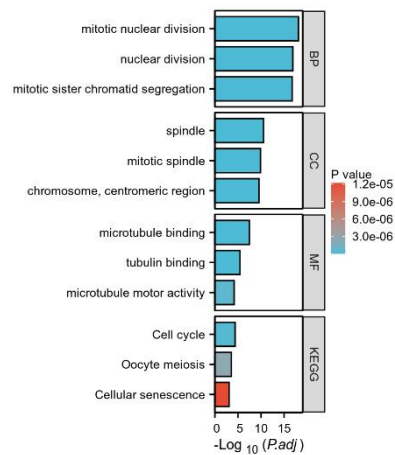
🔄 刷新

	ID	名称	模块	状态	类型	时间	操作
<input type="checkbox"/>	1	GOKEGG	GOKEGG富集分析	完成	表格		<div><div>GOKEGG.xlsx</div><div>GOKEGG.docx</div><div>ID转换情况.xlsx</div><div>下载整份报告</div></div> <div>📄 下载   👁 查看  </div>

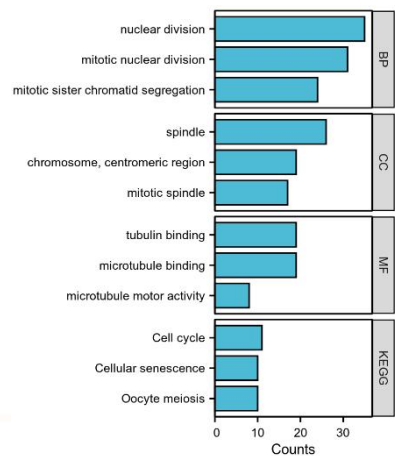
## 4. 如何修改展示的数据?

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 - 校正后 p 值(padj)，颜色映射 - p 值(pvalue)

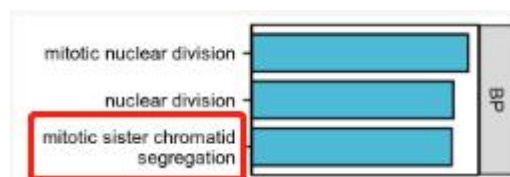


上图：y 轴映射 - 包含 ID 的数量，颜色映射 - 无

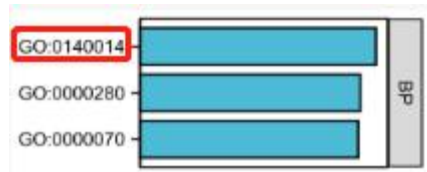
## 5. 名称太长了，如何修改？

答：

当类目名称太长时，可以在**样式**中的 **ID 展示** 参数中进行换行和修改。

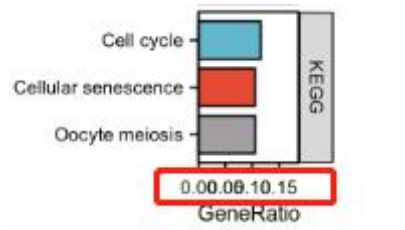


上图：ID 展示 - 一行 20 长度



上图：ID 展示 - ID 号

## 6. 坐标轴有重叠，如何解决？



答：

由于文字不会被压缩，如果左侧的文字很多，就会压缩右侧图的内容而导致坐标轴文字重叠。解决方案可以是：

- ① 增加图片宽度；
- ② 修改样式中 ID 展示 参数，字符换行处理等，从而增加文字右侧图的比例。

## 7. 能否上传自己的富集数据进行可视化？

答：

自己的富集分析的结果可以上传到基础绘图的点图或者一维柱状图模块进行可视化。