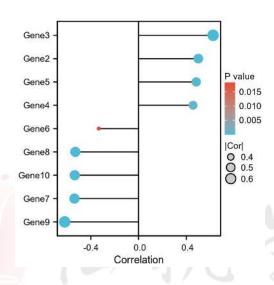


交互网络 - 相关性棒棒糖图



网址: https://www.xiantao.love



更新时间: 2023.02.16



目录	
基本概念	3
应用场景	3
分析过程	3
结果解读	5
数据格式	6
参数说明	7
数据处理	7
映射	8
点	10
线	11
标注	12
标题文本	13
图注	13
坐标轴	14
风格	15
图片	16
结果说明	17
主要结果	17
补充结果	18
方法学	19
如何引用	20
常见问题	21



基本概念

棒棒糖图:通过点图和线图组合成棒棒糖的形式

▶ 相关性棒棒糖图:分析 1 个主要变量和其他所有变量之间的相关性结果并用 棒棒糖图形式展示结果

应用场景

通过点、线的形式来展示主要变量与其他变量之间的相关性

分析过程

上传数据 — 数据处理(清洗)— 相关性分析 — 可视化

- ▶ 数据格式: (具体数据格式要求可以看后面过程的"数据格式"部分)
 - 数据每一列都代表一个变量/样本,都需要是数值类型的数据
 - ◆ 数据第1列表示主要变量
 - ◆ 数据第2列直至以后都是其他变量,对应 x 轴

A	A	В	C	D	E	F	G	Н]
1	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10
2	0.496745924	0.467723302	-0.048351761	-0.240196499	0.43226315	0.921879419	0.784514945	1.245615557	0.518298418	0.739705603
3	-0.01368477	0.06421928	0.249732944	0.537374657	-0.04316992	1.286957965	1.175662851	0.5182841	0.981862233	0.568852396
4	0.01182029	0.141322045	0.633965878	-0.263885834	0.542861073	0.490195153	1.183083571	0.987716302	1.067240227	1.033805987
5	-0.004488363	-0.058815726	0.586873137	0.222179483	0.179198701	0.44559659	0.548951482	0.965296724	1.13184169	0.354723611
6	-0.210829963	0.369931219	0.547144016	0.36844285	0.472425386	0.854233325	1.18447251	1.123654746	1.262049733	0.943975343
7	0.642966409	0.355974738	0.671350067	0.173697559	0.032966	0.767416042	1.249694698	0.595296227	0.60783876	0.513691745
8	-0.179486354	0.196057306	0.168928365	0.065455873	-0.014343253	0.448853135	1.244653087	0.678902879	1.150490547	1.088849734
9	0.119288873	-0.192532717	-0.155474752	0.501615558	-0.246108244	0.940513758	1.272317943	0.347395517	0.745167982	0.645567114
10	0.15636136	0.52661018	-0.077797179	0.380145601	0.315129994	1.260823014	1.181884192	1.258837779	0.556531639	1.120612391
11	0.625642134	0.319952123	0.246807153	0.013511406	0.392323231	1.198206731	0.861498273	0.492483526	1.168313728	1.199737413
12	0.223237827	0.46813969	-0.270452353	-0.271382299	-0.042795272	0.734466762	0.696293427	0.3255452	1.235287427	0.623165723
13	0.327989421	0.053296945	-0.054571989	0.113712744	-0.114236178	0.36837606	1.103604986	1.17269313	0.833974877	0.594458569
14	-0.138863375	0.651505674	0.145345091	0.532905728	0.306025015	0.945230436	0.440612899	1.112037256	1.013758465	0.42780374
15	0.049065953	-0.14631829	0.063868247	0.010649082	0.333018047	0.33428674	1.225104532	1.255972546	1.076337558	0.50712956
16	0.391187731	0.140520319	-0.000645322	0.505075229	0.51432391	0.440272447	0.4341059	1.147909249	0.70803667	0.680611736



▶ 数据处理

- 对数据中每一列非数值类型的数据进行处理
 - ◆ 所有变量/列都需要纯数值类型的数据
 - ◆ 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

▶ 相关性分析:

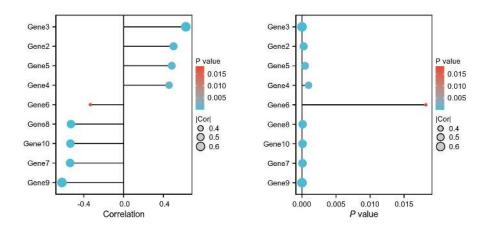
- 将处理(清洗)后的数据进行相关性分析
 - ◆ 主要变量(数据第1列)与其它变量(数据第2列开始的列)之间
 - ◆ 相关性分析表
 - 包含不同方法(Pearson、Spearman)计算的相关性系数值与统计 学 p 值等



▶ 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可视化



结果解读



- ▶ 横坐标表示其他变量(数据第2列开始每一列列名)(图片为默认转置后)
- ▶ 纵坐标表示主要变量(数据第1列)与其他变量(数据第二列开始)之间的 (相关系数(左侧)/p值(右侧)),取决于映射的内容(图片为默认转置 后)
- ▶ 每个点表示主要变量与其他变量之间所映射的内容(相关系数/p值/无)
- ▶ 连接点的横线表示相关性系数(相关系数/p值),横线越长,表示其对应的值越大),取决于映射的内容
 - <mark>如左图</mark>: 横线越长,变量之间相关系数的绝对值越大,表示主要变量与 其他变量之间的相关性越强
 - <mark>如右图</mark>:横线越长,表示主要变量与其他变量之间的统计学 p 值越大,即相关性越没那么显著
- ▶ 横坐标等于 0 位置的竖线(虚线)表示相关性系数(相关系数/p 值)分割线



数据格式

4	А	В	С	D	Е	F	G	Н	1	J
1	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10
2	0.496745924	0.467723302	-0.048351761	-0.240196499	0.43226315	0.921879419	0.784514945	1.245615557	0.518298418	0.739705603
3	-0.01368477	0.06421928	0.249732944	0.537374657	-0.04316992	1.286957965	1.175662851	0.5182841	0.981862233	0.568852396
4	0.01182029	0.141322045	0.633965878	-0.263885834	0.542861073	0.490195153	1.183083571	0.987716302	1.067240227	1.033805987
5	-0.004488363	-0.058815726	0.586873137	0.222179483	0.179198701	0.44559659	0.548951482	0.965296724	1.13184169	0.354723611
6	-0.210829963	0.369931219	0.547144016	0.36844285	0.472425386	0.854233325	1.18447251	1.123654746	1.262049733	0.943975343
7	0.642966409	0.355974738	0.671350067	-0.173697559	-0.032966	0.767416042	1.249694698	0.595296227	0.60783876	0.513691745
8	-0.179486354	0.196057306	0.168928365	0.065455873	-0.014343253	0.448853135	1.244653087	0.678902879	1.150490547	1.088849734
9	0.119288873	-0.192532717	-0.155474752	0.501615558	-0.246108244	0.940513758	1.272317943	0.347395517	0.745167982	0.645567114
10	0.15636136	0.52661018	-0.077797179	0.380145601	0.315129994	1.260823014	1.181884192	1.258837779	0.556531639	1.120612391
11	0.625642134	0.319952123	0.246807153	0.013511406	0.392323231	1.198206731	0.861498273	0.492483526	1.168313728	1.199737413
12	0.223237827	0.46813969	-0.270452353	-0.271382299	-0.042795272	0.734466762	0.696293427	0.3255452	1.235287427	0.623165723
13	0.327989421	0.053296945	-0.054571989	0.113712744	-0.114236178	0.36837606	1.103604986	1.17269313	0.833974877	0.594458569
14	-0.138863375	0.651505674	0.145345091	0.532905728	0.306025015	0.945230436	0.440612899	1.112037256	1.013758465	0.42780374
15	0.049065953	-0.14631829	0.063868247	0.010649082	0.333018047	0.33428674	1.225104532	1.255972546	1.076337558	0.50712956
16	0.391187731	0.140520319	-0.000645322	0.505075229	0.51432391	0.440272447	0.4341059	1.147909249	0.70803667	0.680611736

数据要求:

- ▶ 数据至少2列以上,每列至少5个观测(即至少5行数据),数值类型,最 多支持30列和5000行数据
 - 所有变量/列都需要纯数值类型的数据
 - 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
- ▶ 第一列为主要变量,用于计算自身与除自身外其他变量之间的相关性,图中所展示的变量(y轴)是除第一列主要变量之外的其他变量,其顺序与上传数据中各分子的顺序保持一致,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。
- ▶ 变量名(列名)不能重复



参数说明

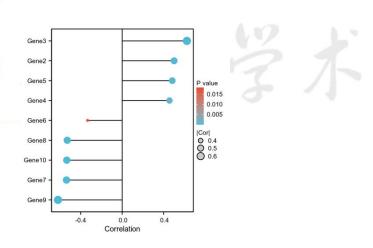
(说明:标注了颜色的为常用参数。)

数据处理

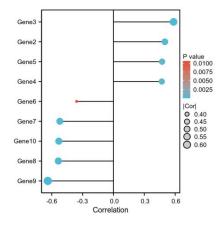


- ▶ 统计:可以选择主要变量与其他变量间进行相关性分析的方法
 - spearman: Spearman(默认)为非参数检验方法,数据可以不需要满足正态

性



■ pearson: Pearson 为参数检验方法,数据需要满足双正态

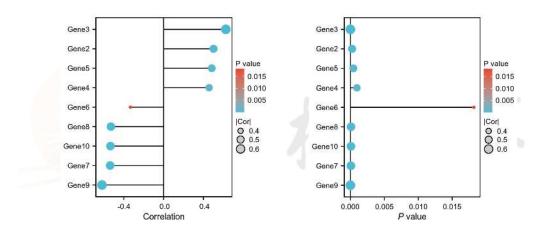




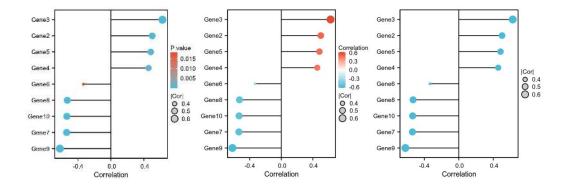
映射



▶ y轴映射:可以选择 y轴映射的数据,即是 y轴代表的信息,默认为相关系数,还可以选择 p值,如下图:(图片为默认转置后的结果)

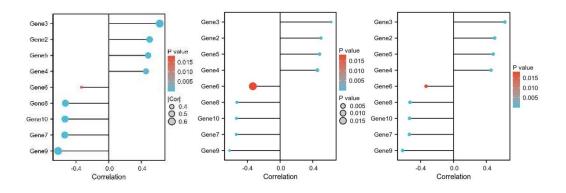


- ▶ 颜色映射:可以选择图中点映射的颜色信息,默认以p值作为映射,如图,颜色越偏向红色表示p值越大,颜色越偏向蓝色说明p值越小(如下左)
 - 还可以选择以相关系数进行映射(如下中)
 - 还可以选择不映射(所有都是一个颜色)(如下右)





- 大小映射:可以选择图中点映射的大小信息,默认以相关系数绝对值作为映射,如图,点越大,说明主要变量与其他变量之间相关系数绝对值越大,即他们之间相关性越强(正相关/负相关)(如下左)
 - 还可以选择以 p 值进行映射(如下中)
 - 还可以选择不映射(所有点的大小都是一样的)(如下右)







点



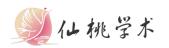
▶ 填充颜色: 可以修改图中各点的填充颜色

▶ 描边颜色: 可以修改图中各点的描边颜色

样式:可以修改图中各点的样式(形状),默认为圆形,还可以选择正方形、菱形、三角形、倒三角形

▶ 大小比例:可以修改图中个点的大小比例,默认为1

➤ 不透明度:可以修改图中各点不透明度,默认为1,表示完全不透明,0表示 完全不透明



线



▶ 颜色:可以修改图中线的颜色

▶ 类型:可以选择连接点的线的类型,默认为实线,还可以选择虚线

▶ 粗细:可以选择修改线条的粗细

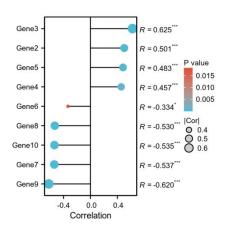
➤ 不透明度:可以修改线条的不透明度,默认为1,表示完全不透明,0表示完全透明



标注



- 内容:可以选择是否对图形进行标注映射,默认为不映射,还可以选择映射:如下(为相关系数-星号)
 - 相关系数
 - 相关系数-星号
 - 星号、p值科学计数法
 - p 值数值(小于 0.05 自动<)
 - p 值数值(小于 0.001 自动<)



▶ 标注大小:可以选择标注的大小,默认为 6pt



标题文本



> 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

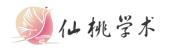
补充: 在要换行的中间插入\n。如果需要上标,可以用两个英文输入法下的大括号括住,比如 {{2}};如果需要下标,可以用两个英文输入法下的中括号括住,比如 [[2]]

图注



▶ 是否展示:可以选择是否展示各指标映射的内容,即图注,默认展示

▶ 图注位置: 可以选择图注的位置,默认表示默认展示在右侧,还可以选择上



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
- ▶ y轴范围+刻度:可以控制 y轴范围和刻度,可只提供 2 个值来控制范围。形如 0.1, 0.1, 0.2, 0.3 (最小值和最大值不能不能可视化数据范围 20%,如果调整过大可能会无作用)





风格



▶ 边框:可以选择是否展示图片边框,默认展示

▶ 网格:可以选择是否展示网格,默认不展示

▶ 可以选择是否进行 x、y 轴颠倒,默认进行颠倒

▶ 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

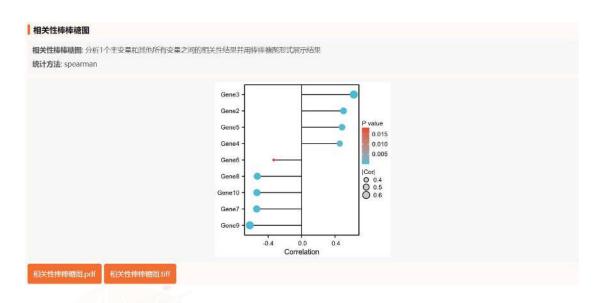
> 字体:可以选择图片中文字的字体





结果说明

主要结果





补充结果

主变量	次变量	自由度(df)	统计量-Pearson	相关系数-Pearson	p值-Pearson	统计量-Spearman	相关系数-Spearman	pfi
Gene1	Gene2	48	3.99705	0.499724	0.0002	1.039e+04	0.500984	
Gene1	Gene3	48	4.98716	0.584217	8.42e-06	7818	0.624586	
Gene1	Gene4	48	3.68768	0.469858	0.0006	1.131e+04	0.456711	
Gene1	Gene5	48	3.71781	0.472841	0.0005	1.076e+04	0.483409	
Gene1	Gene6	48	-2.65895	-0.358304	0.0106	2.778e+04	-0.333974	
Gene1	Gene7	48	-4.23575	-0.521615	0.0001	3.202e+04	-0.537479	
Gene1	Gene8	48	-4.39615	-0.535773	6.08e-05	3.186e+04	-0.529988	
Gene1	Gene9	48	-5.74211	-0.638124	6.2e-07	3.373e+04	-0.619592	
Gene1	Gene10	48	-4.34108	-0.530962	7.28e-05	3.196e+04	-0.534886	

这里提供相关性分析表:可以查看主要变量与其他变量之间的相关系数与其对应的统计学 p 值

- ▶ 相关系数为正数,说明两个变量(主要变量与其他变量)之间可能存在正相 关关系;相关系数为负数,说明两个变量可能存在负相关关系
 - 相关系数绝对值在 0.8-1.0 之间,说明两个变量之间强相关
 - 相关系数绝对值在 0.5-0.8 之间,说明两个变量之间中等程度相关
 - 相关系数绝对值在 0.3-0.5 之间,说明两个变量之间相关程度一般
 - 相关系数绝对值在 0.0-0.3 之间,说明两个变量之间弱相关或者不相关
- ▶ 相关是否有统计学意义还需要结合 p 值来查看



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: ggplot2 包 (用于可视化)

处理过程:

(1) 对数据中主变量和次要变量之间进行相关性分析

(2) 分析结果用 ggplot2 包进行棒棒糖图可视化





如何引用

生信工具分析和可视化用的是 R 语言,<mark>可以直接写自己用 R 来进行分析和可视化即可</mark>,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。

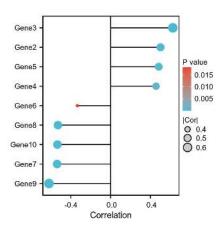




常见问题

1. 为什么数据说明与主要结果说明跟图的坐标对应不上?



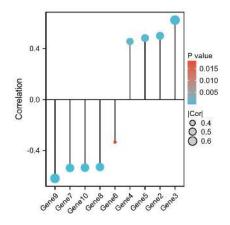


▶ 横坐标表示其他变量(数据第二列开始每一列列名)

纵坐标表示主要变量(数据第一列)与其他变量(数据第二列开始)之间的 (相关系数(左侧)/p值(右侧)),取决于映射的内容(<mark>图片为默认转置</mark>

答: 主要结果显示的是默认将图形进行转置之后得到的, 所以会跟数据说明与主要结果说明反过来了, 如下 (左侧为参数设置, 右侧为不转置结果)







2. 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。

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