Gephi

#在windows下载cytoscape或是gephi等软件时常需要依赖其他组件,建议可以把最新版本的java、python、jdk、R等常用的基础软件与要用的软件下载到同一位置。关于windows下软件的互相依赖、环境变量设置等问题尚未完全掌握,只要能用就行。

使用psych中corr.test函数计算得出的csv相关性文件导入软件,导入edge边文件和node点文件。

```
library(psych)
ARG=read.table("ARG.txt", row.names=1, header=T, sep="\t")
MGE=read.table("MGE.txt", row.names=1, header=T, sep="\t")
#导入ARG数据、MGE数据,首列为样品名,注意数据表头不能含有空格、括号、引号等,数据尽量不使用科学计数法
arg<-ARG[,which(colSums(ARG)>0)]
mge<-MGE[,which(colSums(MGE)>0)]
#删除全为0的列
```

result_pair=data.frame(print(corr.test(mge,arg,use="pairwise",method="spearman",adjust="fdr",aminlength=100),short=FALSE))

#计算相关性,调整结果格式; method默认为pearson,pearson相关系数适用于连续性变量,且变量服从正态分布的情况,为参数性的相关系数,而spearman等相关系数适用于连续性及分类型变量,为非参数性的相关系数; minlength是简写的名字长度,可以设置大一点以显示全部名字,方便后续调整; adjust是p值矫正参数,默认使用holm矫正,Bonferroni校正方法比较传统严格,统计几十次时可尝试使用,而FDR(BH/BY)较为温和,应用最多; alpha=.05即置信区间为95%。

```
#计算时间较长,可调整参数,暂未实操
pair=rownames(result_pair)
result_pair2=data.frame(result_pair[, c(2, 4)], pair)
result_pair3=data.frame(result_pair2[order(result_pair2[,"raw.p"], decreasing=F),])
#提取信息,并根据p值排序
n=0
for(i in 1:N)
{
```

```
if(result_pair3[i, 2]<=0.05)
{
    n=n+1
}</pre>
```

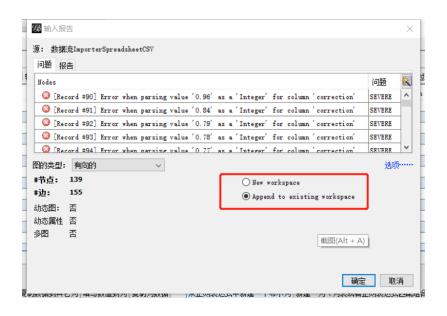
#此循环为统计p≤0.05,即显著相关的数量。其中N为上一步result_pair2中项目的数量。 最后统计出n即为显著相关的数量

```
result_pair4=result_pair3[result_pair3$raw.p<=0.05, ]
```

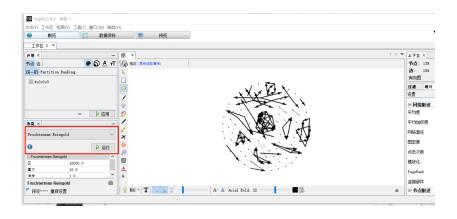
write.table(result pair4, file="corr.txt", sep="\t", row.names=F, quote=F)#提取并保存结果

#边文件为必须的,第一列为source,第二列为target,即表示source对target的影响(有向),第三列为weight即相关性的绝对值,第四列为correction即相关性(含正负),第五列为±1;点文件第一列为ID,应为所有的source和target名,第二列为label即显示的标签,后续可自行添加用于着色

打开Gephi文件,点击"文件—导入电子表格",导入结点文件,图的类型,选择"无向的"。同样导入边文件,有向的,选择"Append to existing workspace"



在"概览"界面的"布局"中,选择"Fruchterman Reingold",点击"运行",待图形稳定后,点击"停止"。



在"外观"中,点击"节点","颜色","Partition",选择"details",点击应用,即根据节点不同的信息去上色。

在"外观"中,点击"节点","大小","Ranking",选择"度",点击应用。即以不同度区别不同节点的大小。如果看不到大小变化,调整最大尺寸。

在"外观"中,点击"边","颜色","Partition",选择"cor",点击应用。即以颜色区分相关性的正负。

在"预览"界面,点击"刷新",可显示最终的图形。可在"预览设置"中选择"显示标签", 具体的信息节点、连线可慢慢调整。

在网络图右侧,统计选项卡中,点击"运行",可计算网络和节点的参数。

