

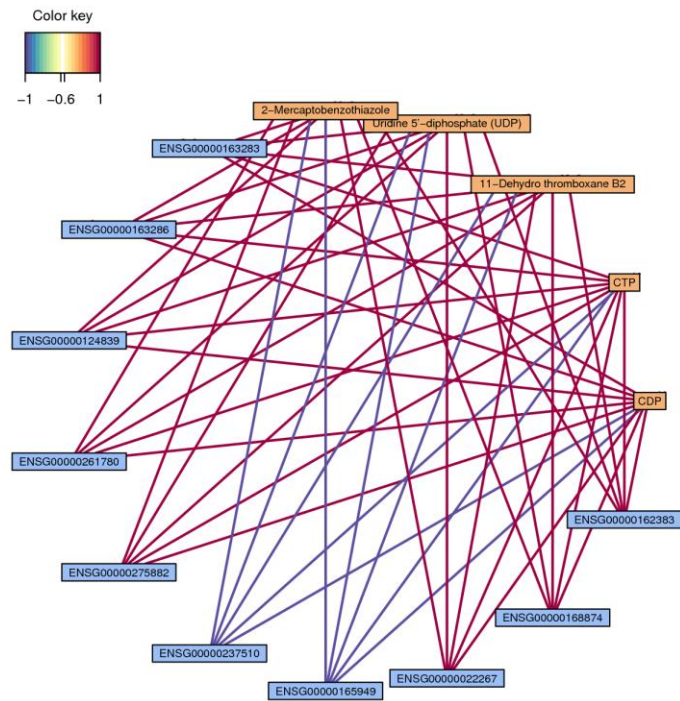
相关性分析的结果中差异代谢物展示Top50 (pvalue 从小到大排序)，差异基因展示

Top50（pvalue 从小到大排序）；若差异代谢物数目< 50 ,差异基因数目 < 50，则展示所有的差异代谢物或所有的差异基因。颜色越红，正相关性越强，颜色越蓝，负相关性越强，椭圆越扁，代表相关性的绝对值越高，相关性统计检验 $P<0.05$ 会进行星号（*）标记。相关性表格中展示Top 500 的差异代谢物（按p value从小到大排序）和Top 500 的差异基因（按p value 从小到大排序）的两两相关性。

相关性网络图分析

*_meta_tran_corr_net.pdf 代表差异基因和差异代谢物的相关性网络图

neg:负离子模式 pos:正离子模式



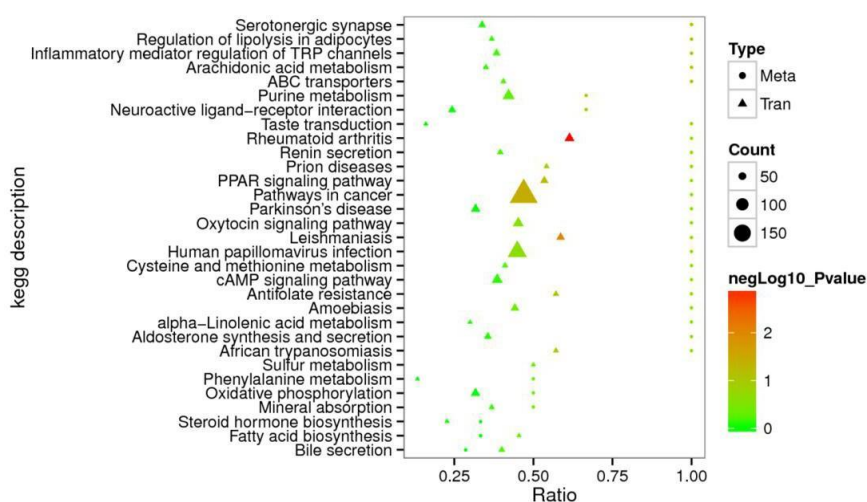
选择代谢组学富集结果Top5的代谢物和转录组Top10的基因，并借助 R 语言的 **mixOmics** 包，绘制代谢-转录相关性网络图。图中方框表示代谢物和基因，框的颜色区分代谢物和基因，黄色框代表代谢物，蓝色框代表基因；线的颜色表示相关性，正相关的是红色，负相关的是蓝色，相关性系数越大，线条越宽，颜色越深。

2. kegg

KEGG富集分析

*kegg_enrichment_share.scatterplot.dv.pdf 是代谢转录相应比较对的通路关联分析结果。

*kegg_enrichment_share.xls 文件是对应的作图数据。



neg:负离子模式 pos:正离子模式

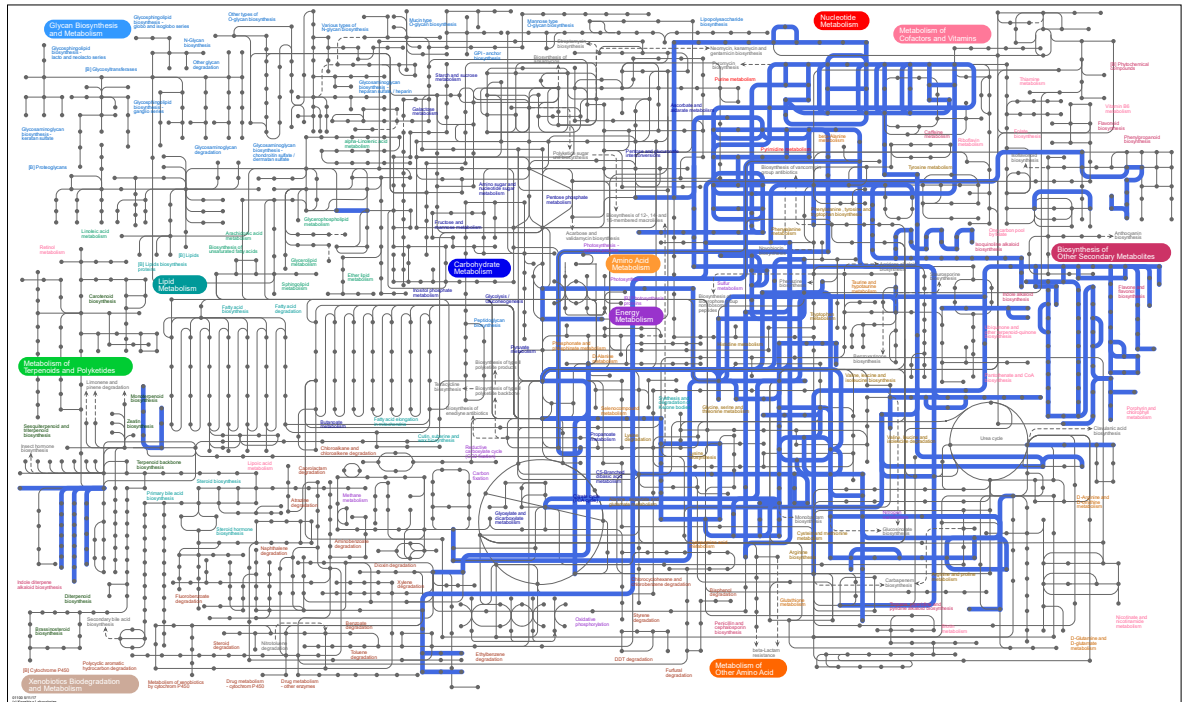
代谢与转录共有条目的分析结果示例图

代谢与转录KEGG 富集分析，基于代谢与转录同一比较对的 KEGG 富集结果，以 KEGG Pathways 为条目，获取代谢、转录共同富集到的通路。并借助R 语言的ggplot2 包，对代谢、转录共同富集到的通路，绘制代谢-转录KEGG 富集气泡图。

图中“Type”是指样本类型，Meta 代谢【圆点是代谢数据】，Tran 转录【三角是转录数据】；“Pvalue”是通路富集【转录或代谢】的 pvalue；“Count”是通路中富集的代谢物或基因的个数，“Ratio”是该通路中富集到的差异代谢物或差异基因与该通路中注释到的代谢物或基因个数的比值。

3. iPath

.vs..{pdf,png} 代表这个通路图



通路中加粗的颜色线条表示被两个组学富集到的共有通路。

选择代谢组学与转录组学共同富集结果的通路条目，并借助 R 语言的pathview包，对代谢、转录共同富集到的通路，绘制代谢-转录 KEGG 共有patiview富集图。在KEGG通路图中，圆圈代表代谢物，蓝色圆圈为下调差异代谢物，黄色圆圈为上调差异代谢物；方框代表基因或蛋白质，其中绿色方框代表表达量差异下调的基因，红色方框代表表达量差异上调的基因。