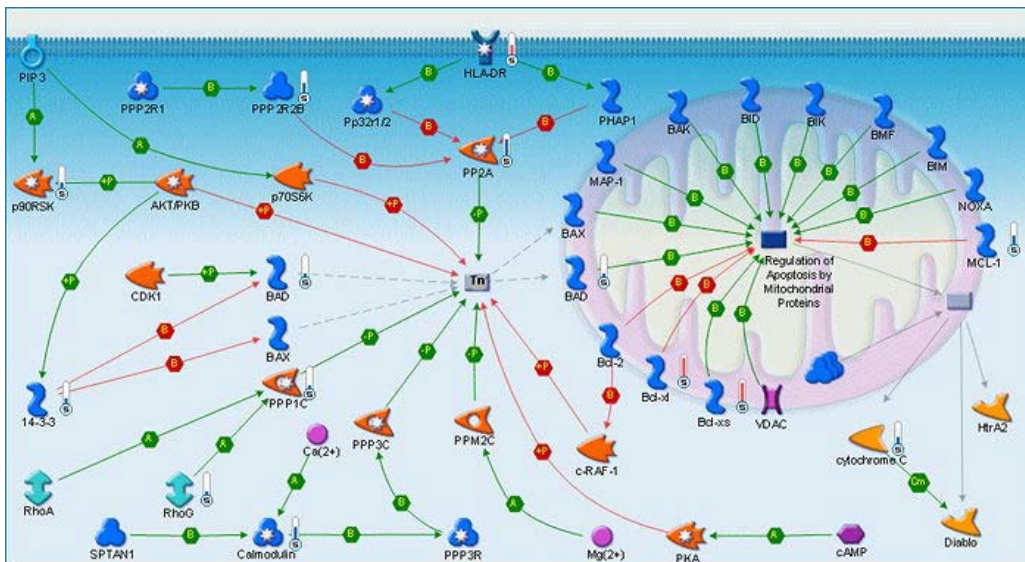




MetaCore 高级培训手册

版本 5.0



GeneGo, Inc. 500 Renaissance Dr., Ste. 106, St. Joseph, MI 49085

电话: 888-592-3124, 858 756 7996, 269-983-7869 或 +447786150699

传真: 269-983-7654

customersupport@genego.com

www.genego.com

引言

MetaCore 包括很多网络构建和操作的选项，除了一些其他高级功能，本手册还将介绍基因列表导出和数据共享等操作方法。

网络构建

算法

MetaCore 包括四种“分析”网络算法，当您有大量网络对象时，这些算法非常适合使用。它们都产生了一个较小的网络列表，按 p 值排列，可以单独构建。分析网络创建一个大的网络，并把它分成可以单独构建的较小的子网络，得到的网络按 p 值排序。分析转录调控工作类似于分析网络，只是所创建的子网络都是以转录因子为中心的。

另外两个额外的“分析”网络算法（转录因子和受体）关注提交的基因列表中某个通路的起始节点或结束节点的存在。

“转录因子”机制有利于网络构建，其中转录调控通路的末端节点/受体目标存在于原始基因列表中。如果原始基因列表中是否也存在相应的转录因子，则与该算法无关。

“受体”机制倾向于网络构建，即无论在原始基因列表中是否存在末端受体，该通路的终点都指向受体（通过“受体结合”），而该通路的起点（转录因子或配体等）都存在于原始基因列表中。

最短路径和自调节算法是相似的。他们试图将原始基因与数据库中的其他对象沿着定向路径连接起来。不同之处在于，自调节的算法试图使用转录因子将原始列表中的对象链接起来。对于这两种算法，可以在“高级选项”部分中调整对象之间使用的最大步骤数。

直接交互算法仅从原始列表中的对象创建网络；不会添加数据库中的其他对象。这个算法是很好的开始，因为它可以显示列表中的任何对象是否通过相互交互“聚集”在一起。

自动扩展算法添加对象，直到创建一个相当密集的网络；这最适合用于查看几个节点周围的邻近交互和对象。最后，通过一个交互展开，可以简单地添加列表中每个节点周围的所有一步交互。

高级选项

“Network Options”即网络选项页面的“Advanced Options”高级选项部分提供了一些选项，用于指定网络构建算法如何构建网络，例如，通过指定要使用多少和什么类型的对象。高级选项部分可以通过单击网络选项页面上的高级选项标题打开（图 1）。您还可以单击问号按钮查看一些选项的可视化表示。

所有算法都有许多共同的选项。这些共同的选择说明如下：

Discard objects——选中这一行中的框将限制算法，使其只使用指定的框。如果选中了实验框，算法将只使用活动数据文件夹中的实验对象。如果选中用户列表框，算法将只使用打开网络选项页面之前选择的对象（网络对象部分中列出的对象）。

Filter interactions by confidence level——默认情况下，MetaCore 只在网络构建中使用高度置信度的手动管理交互。数据库确实包含一些低置信度交互，可以在此选项中显示或使用这些交互。如果将该选项设置为“Use”，那么算法将使用任何低置信度交互向网络添加额外的对象。如果设置为“Show”，则算法不会使用它们来添加对象，但如果低置信度交互的源对象和目标对象同时出现在网络上，则会显示交互。

Use unspecified reactions——未指定的反应是同时具有未指定的效果和机制的交互作用。默认情况下，不使用这些类型的交互。它们可以与此选项一起显示或使用。

Use indirect interactions——间接交互表示为对表达交互机制的影响。默认情况下，这些类型的交互将被舍弃。使用此选项，您可以选择让算法使用它们向网络添加其他对象，也可以选择只显示它们。

Use binding interactions (special cases)——默认情况下，具有未指定效果的绑定交互在构建网络时被舍弃。与根据置信度进行过滤一样，您可以告诉算法只显示交互，而不使用它们，或者您可以使用未指定的绑定交互。在这里，您还可以告诉算法将未指定的绑定交互视为双向的。

Use interaction weights——此选项可用于分析网络、转录调节、最短路径、自调节、直接交互、一次交互扩展和自动扩展算法。如果勾选此框，算法将在构建网络时考虑交互权重。一些交互机制具有不同的权重。例如，复杂关系（CR）

机制的权重接近于 0，而转录调节（TR）机制的权重更大。选中此选项时，将使用权重来确定路径长度。例如，如果一个交互算法在展开时使用权重，那么算法就有可能将一个对象添加到两个步骤之外。由于这两个链接的权重，它们被认为是一个交互。

Number of nodes in a fragment——此选项可用于自动扩展、分析网络和转录调控。此值是算法将尝试放置到单个对象集群中的对象数量。默认值是 50。

Number of steps in the path——此选项可用于最短路径和自调节算法。使用这个下拉菜单，您可以设置算法用于尝试连接列表中的对象的最大步骤。一个步骤是一个交互，因此，如果将最大步骤数设置为两个，那么在列表中的两个对象之间最多将添加一个附加对象。默认的最大值取决于列表中的对象数量。当使用这些算法中的一种时，确保最大步骤数不太高总是一个好主意，以避免创建非常大的网络。

Show non-connected root nodes——此选项适用于最短路径、自我调节、直接交互、按一次交互展开和自动展开算法。在某些情况下，该算法将无法将给定对象连接到初始列表中的其他对象。默认情况下，这些对象将显示为网络上未连接的对象。使用此选项，您可以选择隐藏这些对象。

Edges weights——此选项可用于分析网络（转录因子）和分析网络（受体）算法。在这些算法中，交互被分配权重值。这些值是：

内部——连接节点的边出现在初始基因列表中；

最近的——连接节点的边缘，其中只有一个存在于原始基因列表中；

外部——在原始基因列表中不存在的节点之间的边缘；

禁止——那些边缘导致许多受体或转录因子。

默认的权重值是预先选定的，其方式是优先通过开始节点或结束节点构建网络路径，其方式是路径不包含通向其他受体或转录因子的中间边缘。然后找到从受体到相应转录因子的最短路径。

Add complementary objects——此选项可用于分析网络（转录因子）和分析网络（受体）算法。通过勾选此框，可将初始基因列表中的互补对象、受体配体或转录靶标添加到结果网络中。

Group networks——这个选项可用于分析网络（转录因子）和分析网络（受

体) 算法。这个选项将把一些生成的网络组合在一起。在“转录因子”算法中，网络根据给定转录因子的目标进行分组。在“受体”算法中，网络由不同的转录因子组成，这些转录因子指向给定的受体。

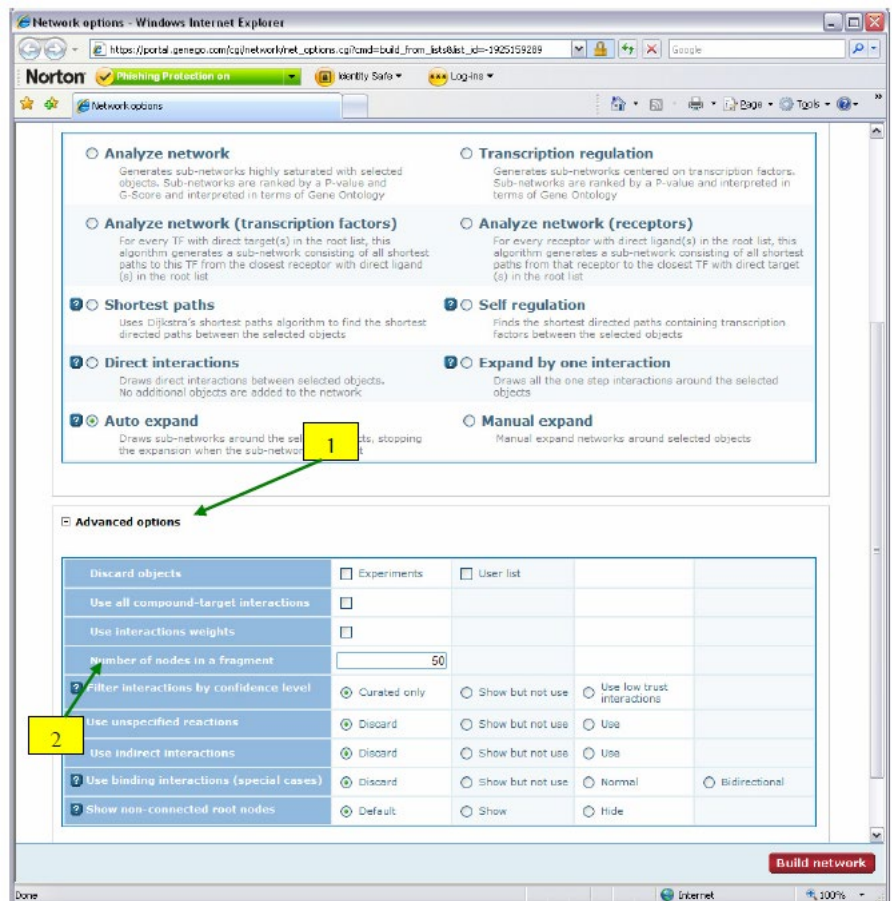


图 1: 1. 点击这里打开高级选项面板; 2. 点击这里查看算法如何工作的可视化表示。

预筛选

网络构建中的另一个可用选项是基于组织、亚细胞定位、有机体、对象类型和/或交互类型对网络进行预过滤的能力。然后得到的网络只包含已知在所选组织或定位中表达的对象; 为所选择的生物体提供一个标准曲线; 属于所选对象类型; 或由所选的交互类型连接。要使用预过滤器, 取消选中“禁用”框, 并单击 Select 按钮来选择预过滤器标准 (图 2)。

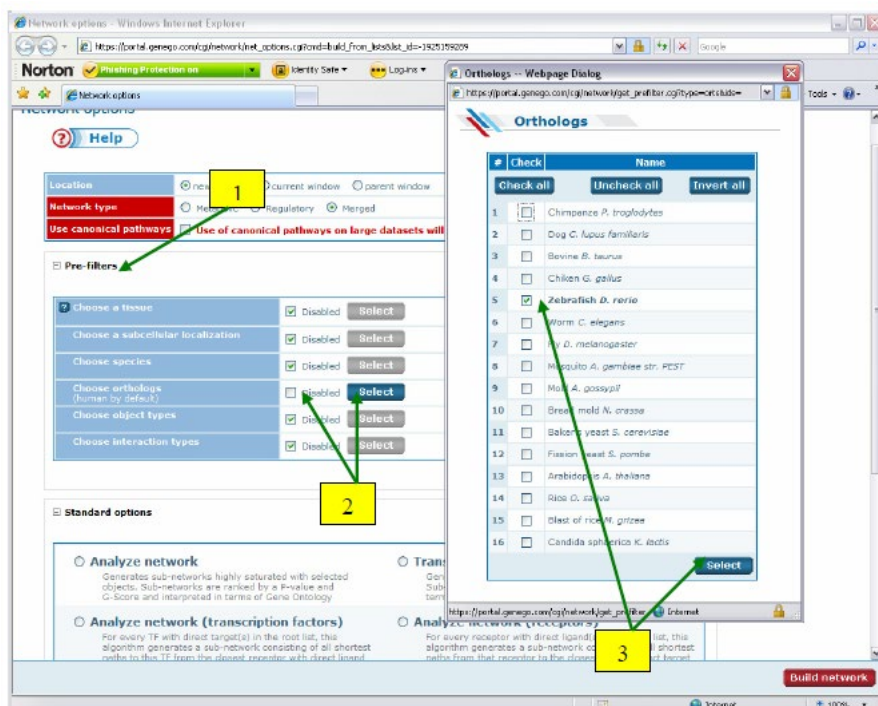


图 2: 1. 点击这里打开预过滤器面板；2. 取消选中“禁用”框，然后单击“选择”；选择一个选项并单击 Select。

添加更多的对象

可以从“网络选项”页将网络对象添加到网络构建中使用的列表中。例如，如果您正在围绕数据集构建网络，但希望在数据集中添加一个或多个对象，以查看附加对象如何影响生成的网络，则此功能非常有用。

要从网络选项页添加对象，首先单击“网络对象”标题。然后单击“添加网络对象”按钮。在弹出的窗口中，搜索想要添加的对象，选中想要添加的结果旁边的复选框，点击“Add selected object”按钮（图 3），该对象将被添加到用于构建网络的列表中。

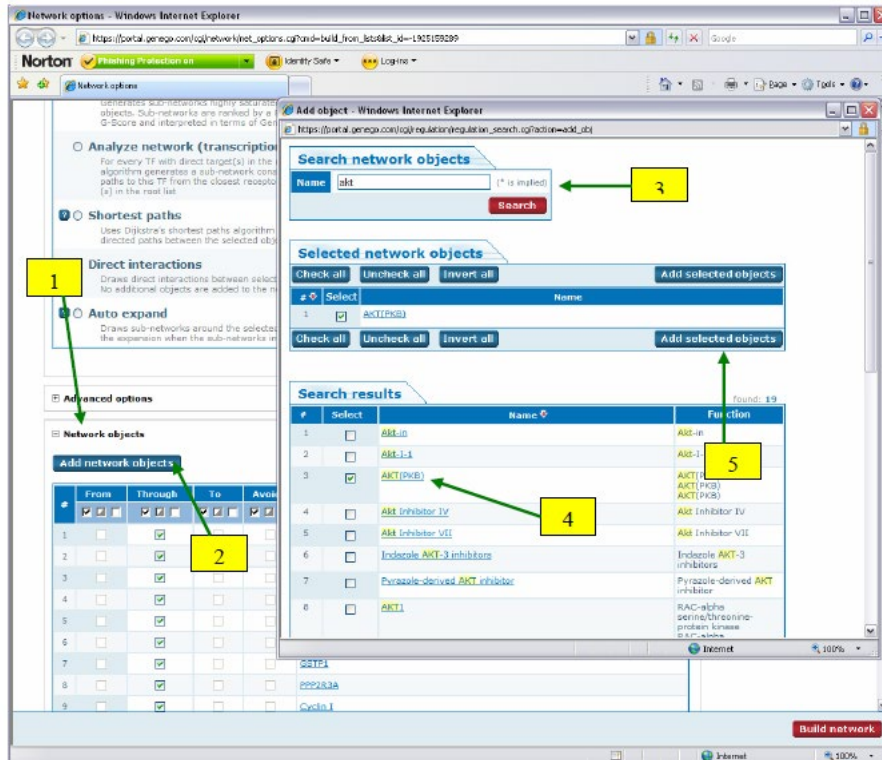


图 3: 1. 单击此处打开网络对象部分；2. 单击此处将更多对象添加到列表；3. 搜索要添加的对象，4. 检查期望的结果；5. 单击此处将选定的对象添加到列表中。

网络操作

有很多方法可以使网络更容易阅读。你可以通过勾选“Fade edges”选项使所有的边缘都是半透明的。淡化边缘会使节点突出。通过这样做，一个复杂的网络会显得不那么“杂乱”。交互箭头上的效果六边形在默认情况下是隐藏的。可以通过检查 Show 菜单中的“Effects”选项来显示它们（图 4）。

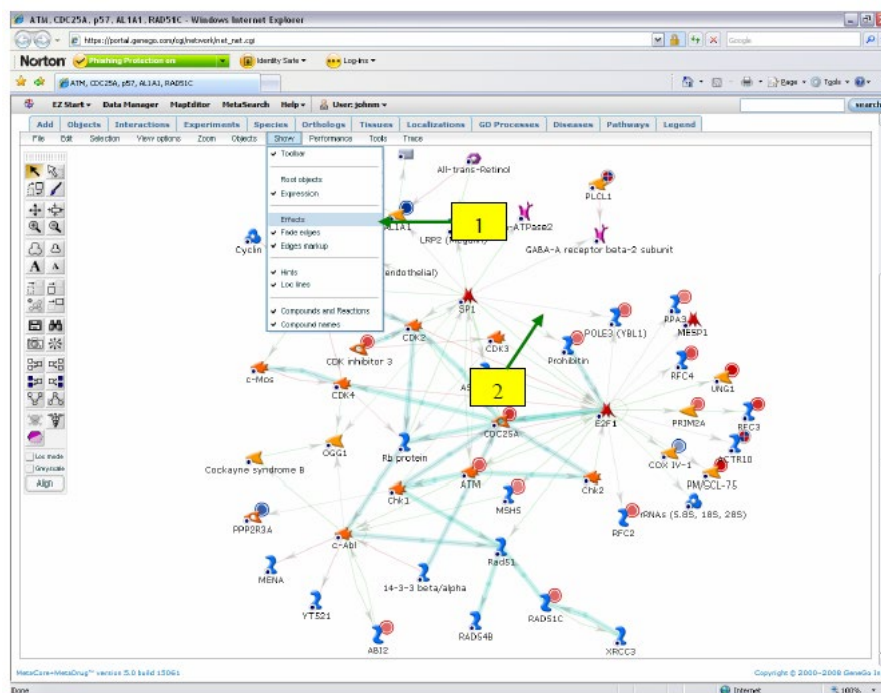


图 4: 1. 显示菜单; 2. 边缘褪色, 效果未选中。

另一种使网络不那么复杂的方法是隐藏对象。通过在编辑菜单的选择子菜单中单击“Hide non-expressed”选项，可以隐藏所有没有表达式数据的对象。这将只留下那些在网络上具有可见表达式数据的对象。此外，您可以通过首先拖动一个框来隐藏所选对象，或者按住 **CTRL** 并单击它们来隐藏所选对象。然后单击“Hide selected objects button”按钮（图 5）。

对象和交互也可以从网络中删除。为此，右键单击对象或交互六边形，并从上下文菜单中选择“Remove”（图 5）。已删除的对象也不再显示在网络统计信息页面中。请注意，删除的对象不能与隐藏的对象返回到同一的网络中。

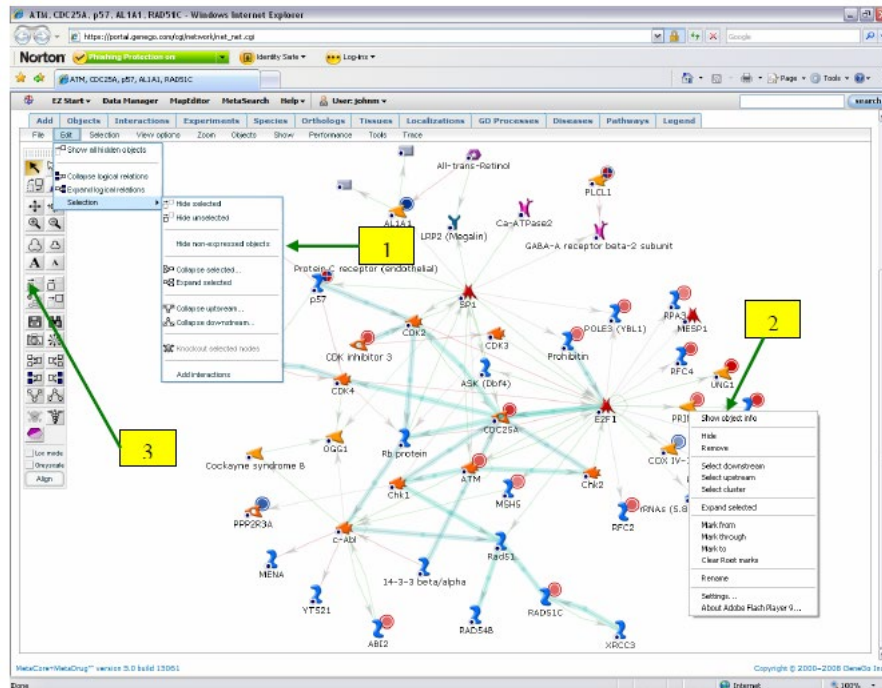


图 5: 1. 隐藏非表达对象的选项；2. 右键单击上下文菜单，其中可以隐藏或删除对象；3. 隐藏选定对象按钮。

隐藏对象的另一种方法是根据网络过滤器进行选择。首先单击网络上方的过滤器选项卡之一（GO process, disease, 等）。然后，当列表出现时，通过选中它旁边的框来选择类别。然后点击“Mark selected”按钮。所有与该类别相关的网络对象都将用灰色圈起来。现在，点击“Hide unselected objects”按钮（图 6），网络将只包含与所选类别相关的对象。

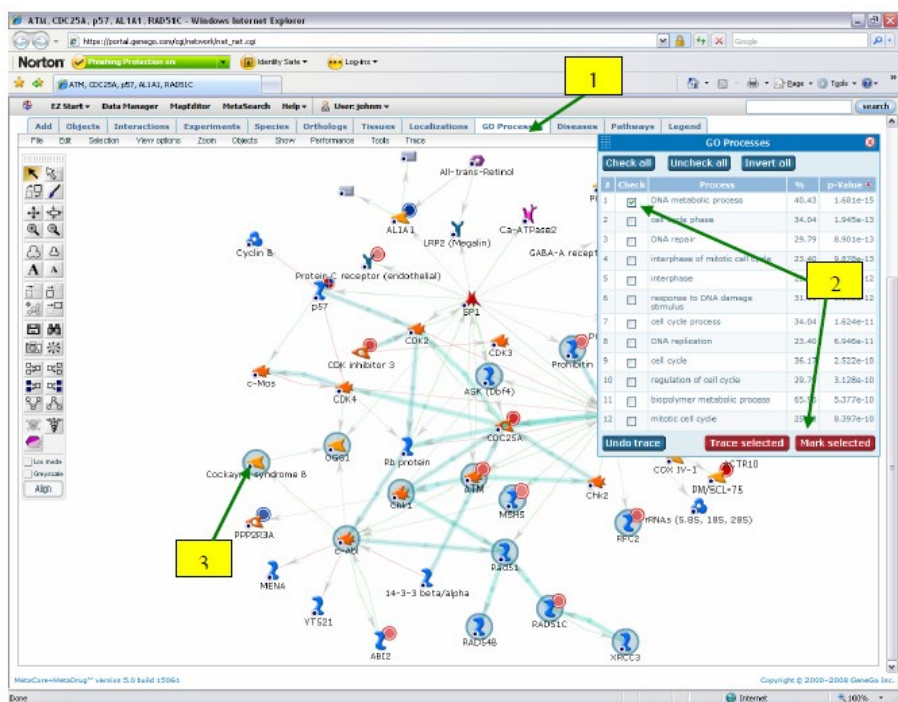


图 6: 1. GO process 选项。2. 选择一个进程，然后单击“Trace selected”或“Mark selected”；3. 这里，标记了与所选流程相关的对象。

隐藏对象可以通过使用 Objects 选项卡或单击“Show all hidden objects”按钮返回到网络。单击“Show all hidden objects”按钮，将所有隐藏对象返回到网络。可以使用 Objects 选项卡向网络返回单个对象。在 Objects 选项卡中，隐藏对象列在下面的窗口中。要将对象返回到网络，选择它并单击红色向上箭头按钮（图 7）。

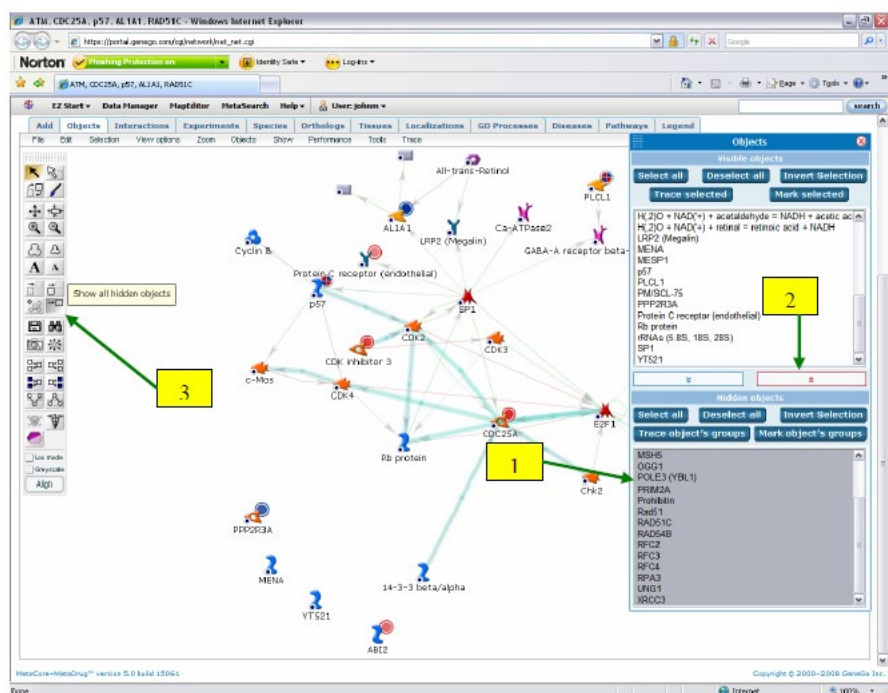


图 7: 1. 选择要显示的对象；2. 单击向上箭头以显示所选对象；3. 单击此按钮可显示所有隐藏对象。

选择感兴趣的基因

有时可能会建立一个巨大而密集的网络，在那里很难找到你感兴趣的基因。找到感兴趣的基因的最快方法是使用 Objects 选项卡。Objects 选项卡列出了上面面板中所有可见的网络对象，以及下面面板中所有隐藏或分组的对象。要在网络上查找要查找的对象，请在 Objects 选项卡的上面板中选择它。然后您可以选择标记所选对象或跟踪所选对象。跟踪对象将使所有未选中的对象半透明，并突出显示所选对象之间的任何交互。这使得挑选您感兴趣的对象更加容易（图 8）。

此外，有些对象是复杂组的一部分。这些组由对象图标上的黄色星星表示。您可以通过在下面的面板中选择您感兴趣的对象所在的组并单击“Trace object’s groups”或“Mark object’s groups”来标记或跟踪该组（图 8）。

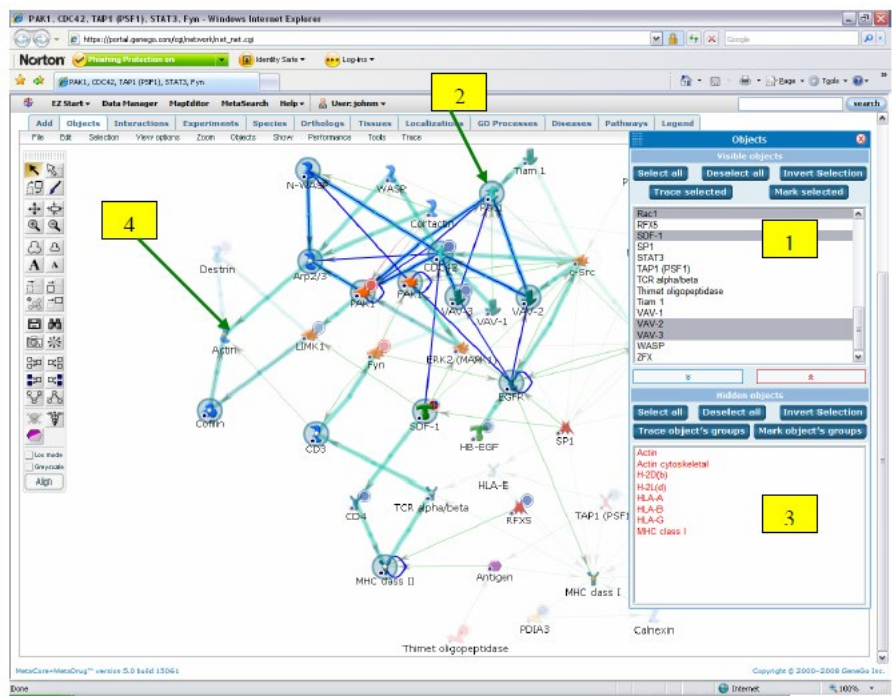


图 8: 1. 在对象选项卡中选择对象；2. 跟踪和标记的对象；3. 包括在其中的对象用红色标记；4. 复杂的群用黄色的星星标记。

网络创建后再筛选

查看有趣对象的另一种方法是使用网络图像上方的各种过滤器选项卡。使用这些选项卡，您可以看到组织、前 12 个 GO Processes 和与网络上的对象相关的前 12 种疾病。您还可以根据亚细胞定位筛选网络，并查看哪些对象与其他物种具有同源性。

组织、GO Processes 和疾病标签在一个类似的网络里。单击该选项卡可以看到相关组织、GO Processes 或疾病的列表。要查看网络上哪些对象与结果相关，请选中结果旁边的复选框。然后点击“Mark selected”或“Trace selected”按钮。标记对象将用灰色圈出与过程、组织或疾病相关的对象。跟踪对象将使不涉及过程、组织或疾病的对象半透明，并突出显示涉及过程、组织或疾病的对象之间的任何交互（图 9）。

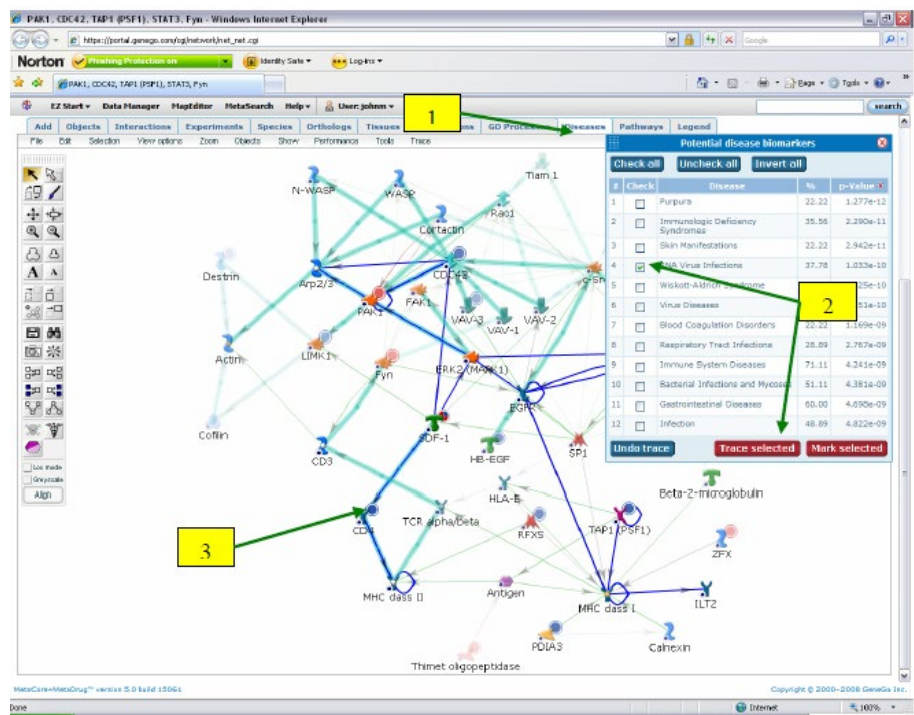


图 9: 1. 疾病的选项卡; 2. 选择一种疾病，并单击“Mark selected”或“Trace selected”; 3. 在这里，跟踪选定疾病中的对象。

使用 Localizations 选项卡，可以隐藏与所选本地化无关的对象。为此，选中所需本地化旁边的复选框，并单击“Show selected items” button”按钮。不在选定本地化中的对象将被隐藏（图 10）。

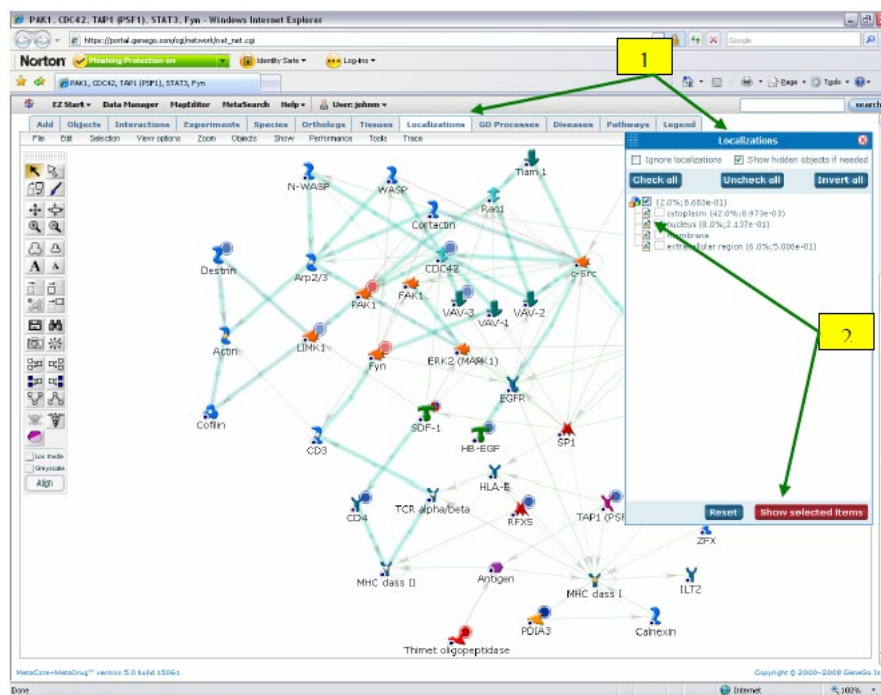


图 10: 1. 本地化选项卡; 2. 选择本地化, 然后单击“Show selected items”以查看该本地化中的对象。

使用 Orthologs 选项卡, 您可以为所选物种标记具有直接同源的对象。为此, 单击 Orthologs 选项卡。然后选中所需物种旁边的复选框, 点击“Select”按钮。使用 Orthologs 的对象将用灰色圈起来 (图 11)。从这里你也可以点击“Hide unselected objects”按钮, 就像上面描述的那样, 只看到在被选择的物种中有一个正射影像的对象。

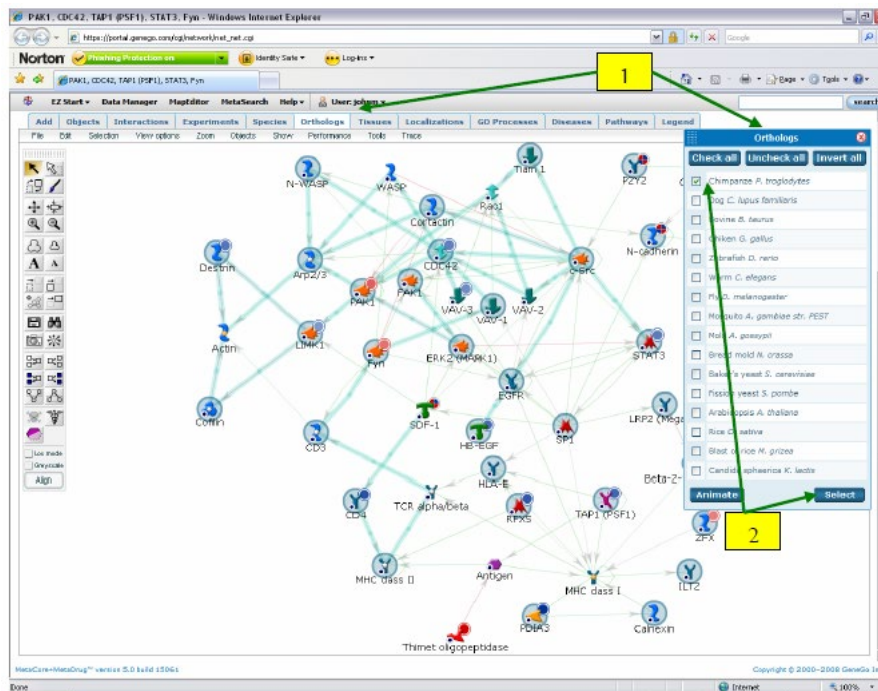


图 11: 1. 直接同源选项卡; 2. 检查一个物种并单击“Select”标记对象。

通路选项

通路选项包含网络上所有规范路径的列表。在构建网络时，如果在网络选项中勾选了“Use canonical pathways”选项，并且规范路径出现在网络中（蓝绿色交互箭头），则可以使用通路选项自动跟踪网络中出现的各个规范路径。单击路径以绿色突出显示其相互作用。点击“Animate”按钮将循环通过网络上的所有路径。您还可以单击“View source”按钮来查看所选路径所在的地图或预构建的网络（图 12）。或者，您可以在网络上选择一个对象，然后单击“Mark pathways for selected node”按钮，突出显示网络上涉及所选对象的所有路径

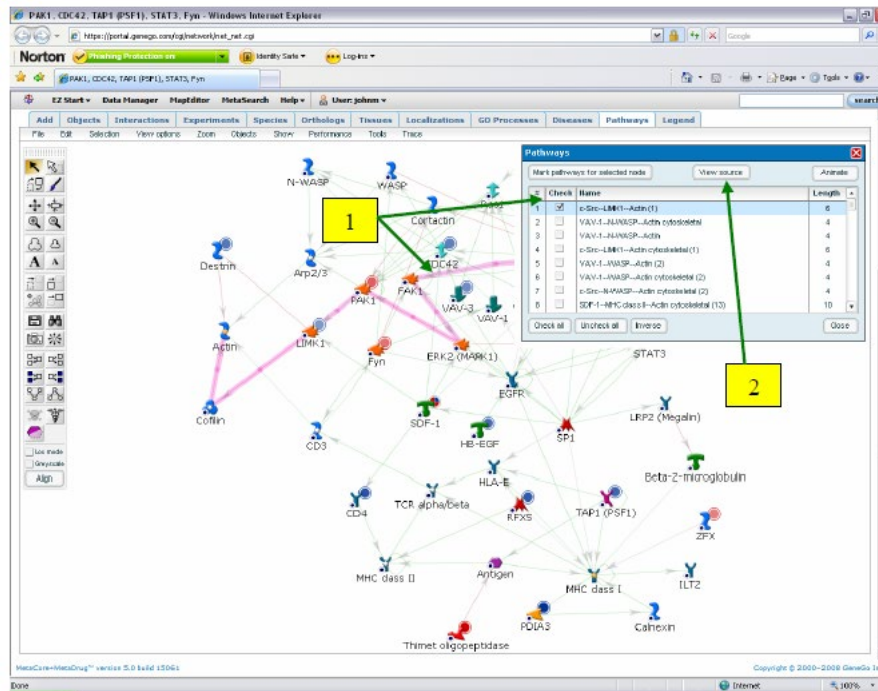


图 12: 1. 所选路径用绿色标出；2. 单击此处查看源映射或预构建的网络。

添加感兴趣的基因

还可以将其他对象添加到已构建的网络中。这是通过使用“Add”选项完成的。使用此选项，您可以搜索要添加到网络中的新对象。要向网络添加新对象，请在“Add”选项中输入搜索项并单击“Search”。然后在出现的窗口中选中所需结果左侧的复选框。然后单击“Add selected objects”按钮。然后，“Add object”窗口将关闭，网络页面将随着所选对象添加到网络而刷新。以这种方式添加的对象使用最短路径算法连接到现有网络。

要围绕网络上已经存在的对象展开，首先按住 CTRL 并单击它们来选择对象。然后单击工具栏中的“Expand selected nodes”按钮。在出现的框中有两个扩展选项。您还可以通过自动扩展算法或通过选定的步骤选择围绕选定的对象展开（图 13）。选择扩展选项后，单击 OK。然后，网络页面将重新加载。

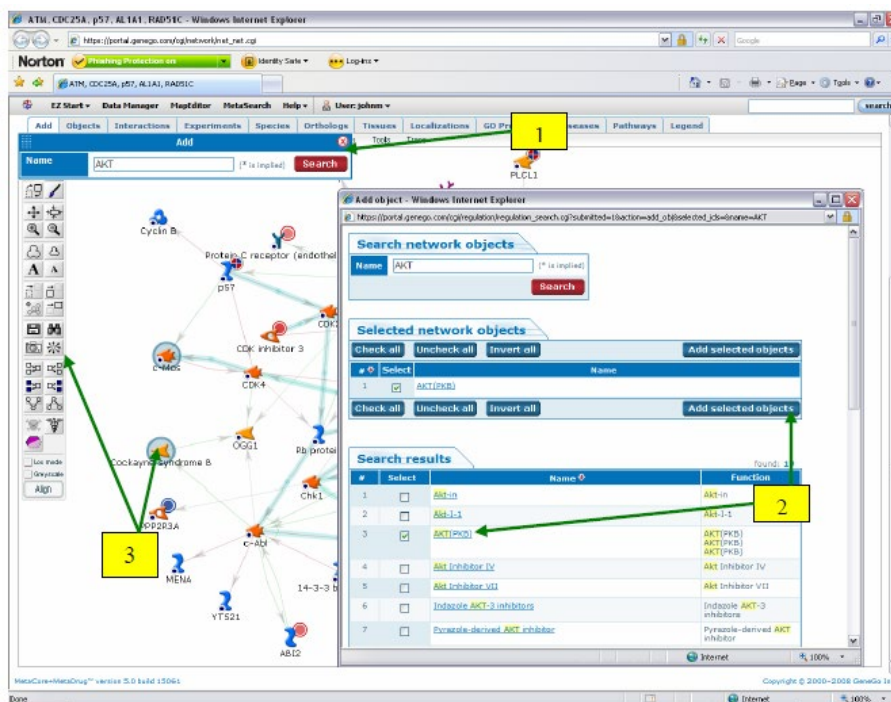


图 13: 1. 在“Add”选项中搜索要添加的对象；2. 选择所需对象，点击“Add selected objects”；3. 通过在网上选择已有对象并单击工具栏中的“Expand selected nodes”按钮，可以展开这些对象。

数据库信息页面

通过单击对象本身，可以从网络中看到对象的相关基因、蛋白质、化合物或反应的数据库信息页。找到这些信息的一个例子就是在网络上寻找目标药物。要查看网络中的哪些对象是药物目标，请单击“Select drug targets”按钮。然后，网络上出现的任何药物靶点都将用灰色圈起来（图 14）。此时，为了使网络更容易使用，您还可以单击“Hide unselected objects”按钮来隐藏所有非药物目标的对象。要查看关于药物靶标的更多信息，请单击它。网络对象信息页面将打开（图 15）。此页面包含许多链接，指向有关网络对象的更多信息；包括其相关基因或蛋白质的数据库信息、对象出现在其上的任何图中的链接、对应的 GO processes 和疾病的链接、对象的已知药物的链接以及对象的网络交互列表。点击“Known drugs for this object”标题查看治疗药物和辅助药物。单击其中一个药物链接后，将打开化合物详细信息页面。

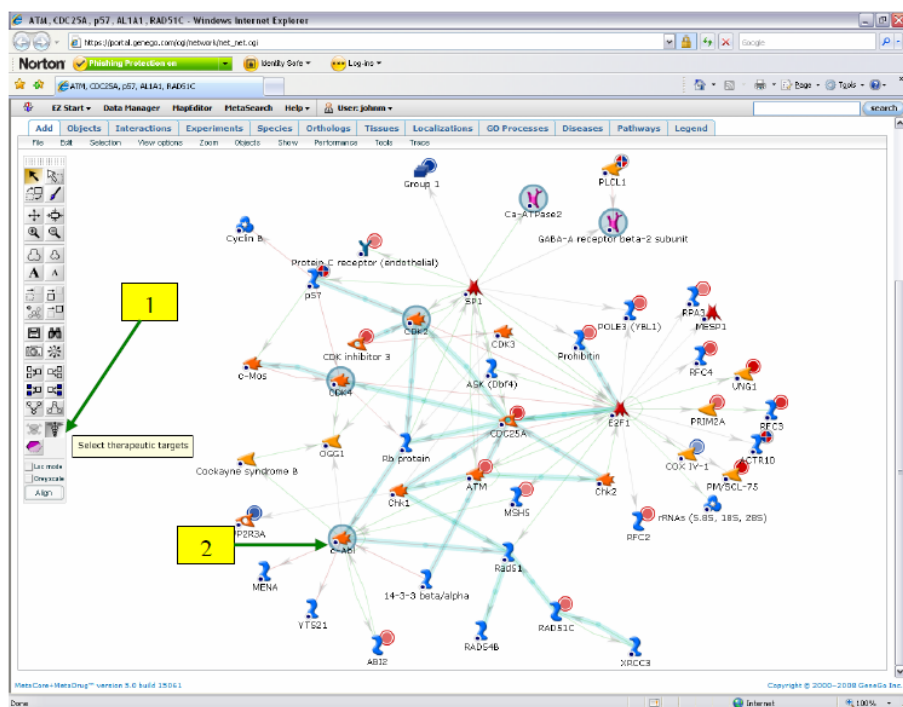


图 14: 1. 点击这里标记药物靶标; 2. 药物靶标用灰色圈起来。

Network objects details - Windows Internet Explorer

https://portal.gene.com/cgi/regulation/regulation_info.cgi?id=882

Network objects details

Expand Collapse

Network object: c-Abl

Name: c-Abl

- Corresponding DB objects
- GeneGo maps
- Drugs for this object
- GO processes
- Diseases
- Interactions

Corresponding DB objects

#	Species	Type	Description
1	Homo sapiens	protein	Proto-oncogene tyrosine-protein kinase ABL1
2	Mus musculus	protein	Proto-oncogene tyrosine-protein kinase ABL1
3	Rattus norvegicus	protein	v-abl/Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 1 (mapped)

GeneGo maps

Drugs for this object

Therapeutic drugs	
1	Imatinib
2	XL228

Secondary drugs	
1	AZD2171
2	Genistein
3	PD153035
4	Vandetanib
5	Vorinostat

图 15: 网络对象信息页面。

化合物详细信息页面包含复合物的结构，点击“Download structure”按钮即可下载为 MOL 文件。详情页面还列出了药物针对的其他基因。这些信息可以说明药物作用的具体程度或范围。在“细节”页面中，您还可以围绕化合物构建一个网络，以便进一步研究化合物与其他对象的交互作用（图 16）。

从化合物详细信息页面可以访问的最后一个工具是搜索“MDL DiscoveryGate”。为此，首先从下拉菜单中选择一个搜索方法，然后单击“Search in DiscoveryGate”按钮（图 16）。然后将打开一个带有“DiscoveryGate”软件的新窗口。登录后搜索将自动执行。

The screenshot shows a web browser window titled "Drug details - Windows Internet Explorer". The address bar shows a URL from "portal.genego.com". The page content includes a table with drug information for Imatinib. The "Chemical Structure" section displays the chemical structure of Imatinib. Below the structure, there are three buttons: "Download structure" (labeled 1), "Upload structure to MetaDrug", and "Search in DiscoveryGate" (labeled 2). The "Search in DiscoveryGate" button has a dropdown menu set to "Automatic".

图 16: 1. 点击这里下载结构 MOL 文件；2. 选择一个搜索方法，点击这里在 DiscoveryGate 中搜索。

网络数据统计

单击“Network Statistics”按钮或从“文件”菜单中选择“Network Statistics”，可以查看关于网络的各种统计信息。这允许您查看网络的列表概述，包括有关网络如何构建的信息；网络上的实验数据；网络中不同对象的活跃程度；以及与网

络相关的 GO process、疾病和组织（图 17）。

统计页面的顶部显示网络的基本信息，包括名称和描述（单击网络页面上的“Rename”按钮可以添加描述）。单击超链接直接转到该节，或者单击打开信息面板。第一部分显示了在构建网络时使用了哪些选项，包括使用的算法、选择的预过滤器和使用的高级选项。同时列出了所有具有实验数据的节点。表中包括网络对象及其相关基因、基因描述和数据值（图 18）。网络上的所有对象都列在集线器和节点部分中。一个数据集是网络上具有五条或多条边的节点。“边”的列中列出了两个数字。第一个数字是该节点的总边数，第二个数字是该节点在网络上的隐藏边数。如果连接到边的一个或多个节点被隐藏，或者由边连接的节点位于一个组中，则该边将被隐藏。

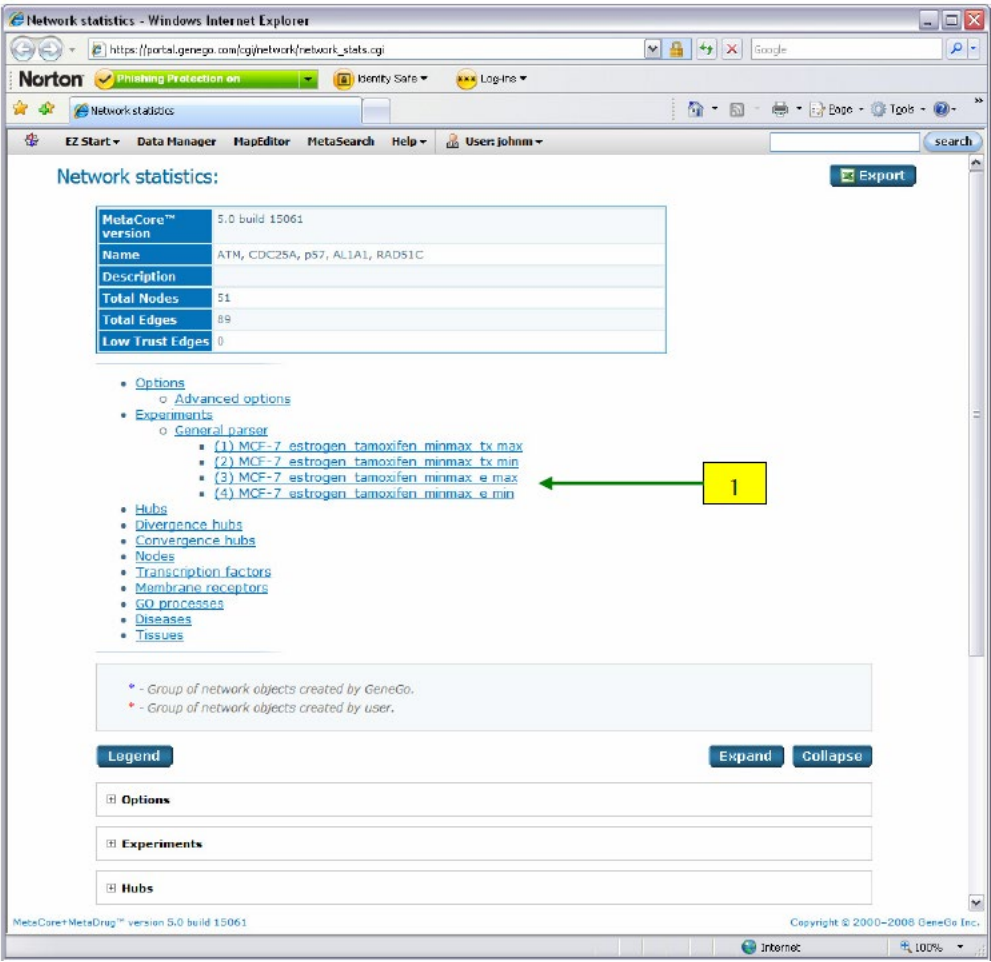


图 17: 1. 单击链接跳转到该部分。

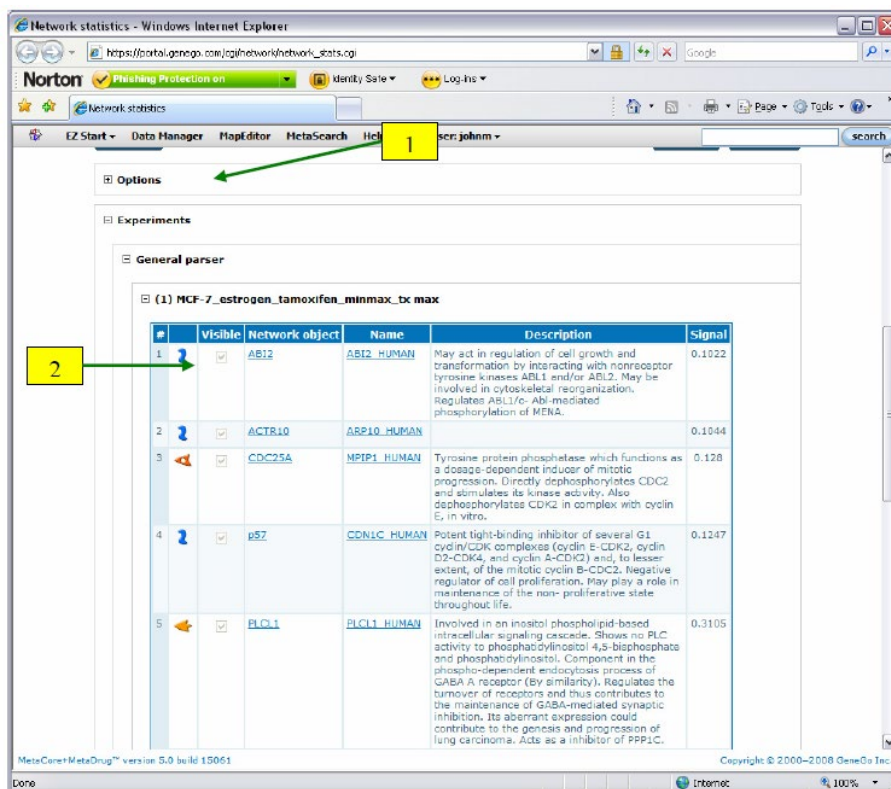


图 18: 1. 单击标题打开每个部分；2. 实验部分列出了带有数据的对象。还列出了对象和数值的描述。

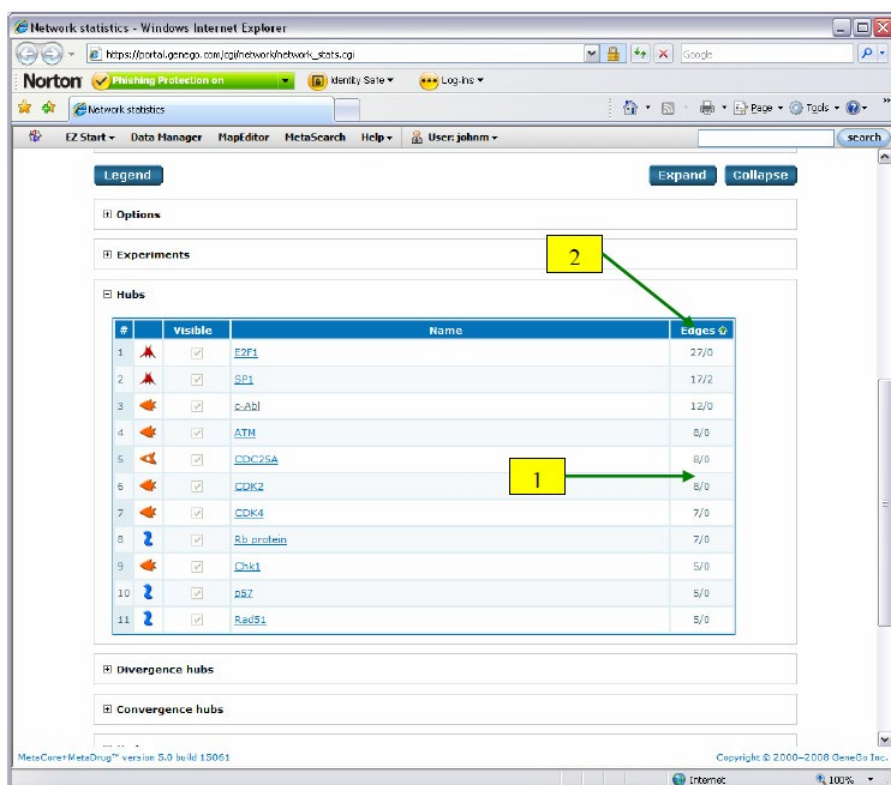


图 19: 1. 每个节点和数据集都列出了可见边/隐藏边；2. 单击“边”标题对表进行排序。

实验交互

与网络的网络数据统计相似，“交互”特性可以显示上传实验的网络连接信息。有了这个特性，您可以看到与实验中的蛋白质相互作用的蛋白质列表。您还可以从列表中获得一个对象总共有多少交互的列表。要使用这个功能，首先激活一个实验或基因列表。然后从“View->Interactome for experiment”子菜单中选择所需的选项。有四个选项，如下所述。

交互作用

选择此选项后，在出现的框中指定一个 p-Value 阈值。根据活动实验中每个对象的相互作用次数，计算其 p 值。这里的阈值设置是用来过滤基于这个计算的 p 值的蛋白质。

在指定阈值之后，将打开一个窗口，其中左侧列出活动实验中的蛋白质，左侧列出与之交互的蛋白质。如果这两种相互作用的蛋白质都通过了 FDR 阈值，那么表中的行将被涂成黄色（图 20）。通过单击右上角的“Export”按钮，可以将表导出到 Excel 文件中（图 20）。

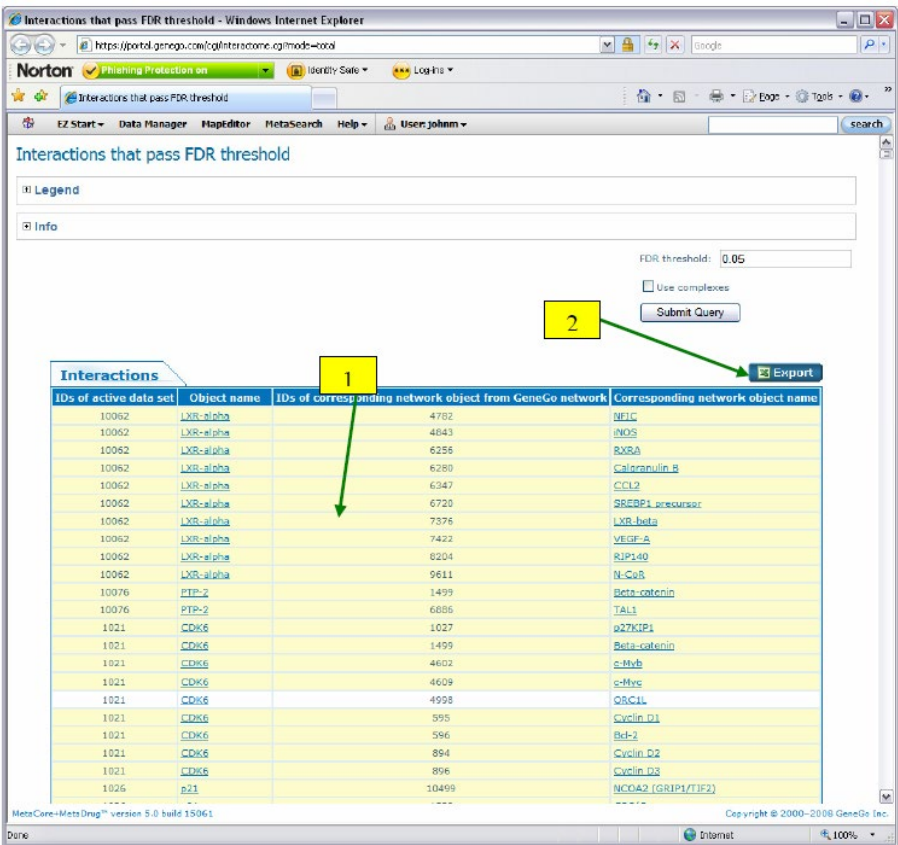


图 20: 1. 两个通过 FDR 阈值的基因之间的相互作用被突出显示；2. 单击此处将表导出为 Excel 文件。

蛋白质交互作用

该工具将生成一个表，列出活动实验中的对象及其交互的对象。选中“Show all columns”框，查看已计算的所有值。表中列出了对象与活动实验对象的交互次数(r)，活动实验网络对象的数量(n)，与对象交互的网络对象的总数(R)，和网络数据库中的对象的总数(N)的对象在每个部分由假定值排名代表对象的概率会有大量的交互作用大于或等于其 r 值在一个网络由给定的对象。表中还列出了超几何分布的平均值。还为每个对象计算 z 分数。z 分数是 $(r - \text{均值}) / \sqrt{\text{方差}}$ (图 21)。

IDs of active data set	Object name	r	n	R	N	mean	z-score	p-value
Transcription factors	SP1	189	770	1275	18981	51.72	20.18	1.219e-58
	p53	109	770	799	18981	32.41	14.03	1.072e-29
	c-Jun	72	770	403	18981	16.35	14.2	7.057e-27
4609	c-Myc	122	770	1100	18981	44.62	12.18	7.754e-25
	EBF1	61	770	330	18981	13.39	13.4	1.047e-23
5970	RelA (p65 NF-kB subunit)	73	770	503	18981	20.41	12.05	1.313e-21
6774	STAT3	55	770	309	18981	12.54	12.35	1.138e-20
6772	STAT1	49	770	260	18981	10.55	12.17	1.264e-19
	IKB1 (p50)	56	770	340	18981	13.79	11.71	2.215e-19
3659	IKB1	33	770	127	18981	5.152	12.57	5.146e-18
	IKK1	36	770	154	18981	6.247	12.2	6.681e-18
	EBF1	44	770	235	18981	9.533	11.47	1.241e-17
	C/EBPbeta	49	770	294	18981	11.93	11.05	2.563e-17
	E2F1	51	770	322	18981	13.06	10.81	8.17e-17
2099	ESR1 (nuclear)	96	770	959	18981	38.9	9.591	1.444e-16
2353	c-Fos	37	770	184	18981	7.464	11.09	4.49e-16
	E2F4	43	770	253	18981	10.26	10.5	1.157e-15
7421	VDR	30	770	128	18981	5.193	11.15	3.587e-15

图 21: 1. 单击此处查看所有数据列；2. 带有符号的行来自当前激活的实验数据；3. 没有符号的行是数据库中的对象，它们与激活实验中的对象交互；4. 单击此处将表导出为 Excel 文件。

转录因子

这个工具的功能类似于“蛋白质交互”工具。然而，这个工具只列出转录因子。

交互作用拓扑

该工具计算整个数据库的平均度、进度、出度和聚类系数，用于实验（基于整个数据库的节点计算和基于实验的平均值），仅用于实验（所有基于实验的计算）。同样，单击“Export”按钮也可以将该表导出为 Excel 文件（图 22）。

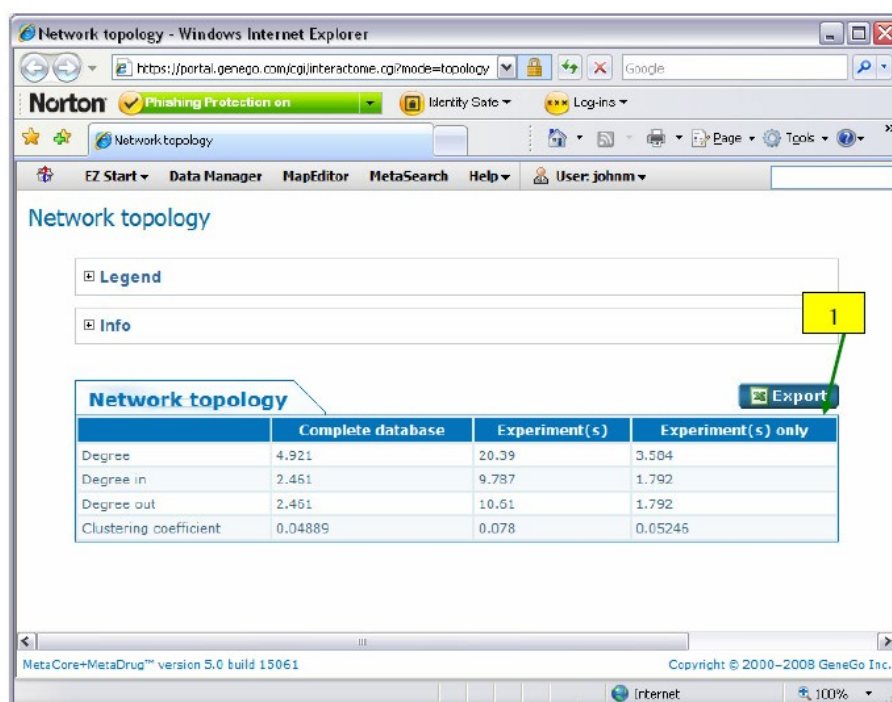


图 22: 1. 单击此处将表导出为 Excel 文件。

使用基因列表

MetaCore 中有许多地方可以导出基因列表。大多数导出面板也包含各种选项。要从通路图等导出基因，首先单击“Export options”标题。然后为列表输入一个名称。如果您希望仅导出那些具有表达数据的基因，请选中“With expression data only”框。然后单击 Export 按钮（图 23）。通过在导出面板的“Export to”行中选择“Excel”选项，还可以将基因列表直接导出到 Excel 文件。

此外，可以将基因导出到第三方分析工具“Rosetta Resolver”、“GeneSpring GX”和“Spotfire DecisionSite”。要将一个基因列表导出到这些工具之一，请在

“Export to”行中选择一个工具，为列表提供一个名称并单击“Export”(图 23)。当导出到“Rosetta Resolver”时，将创建一个.broadcast 文件。当导出到“GeneSpring GX”时，将创建一个 zip 文件。然后将 zip 文件拖放到 “GeneSpring GX”中。当导出到 “Spotfire DecisionSite”时，将会出现一个新窗口，您可以从该窗口将列表加载到正在运行的 “DecisionSite” 窗口中，或者在 “DecisionSite” 中已经打开的文件中从通路图中标记基因。

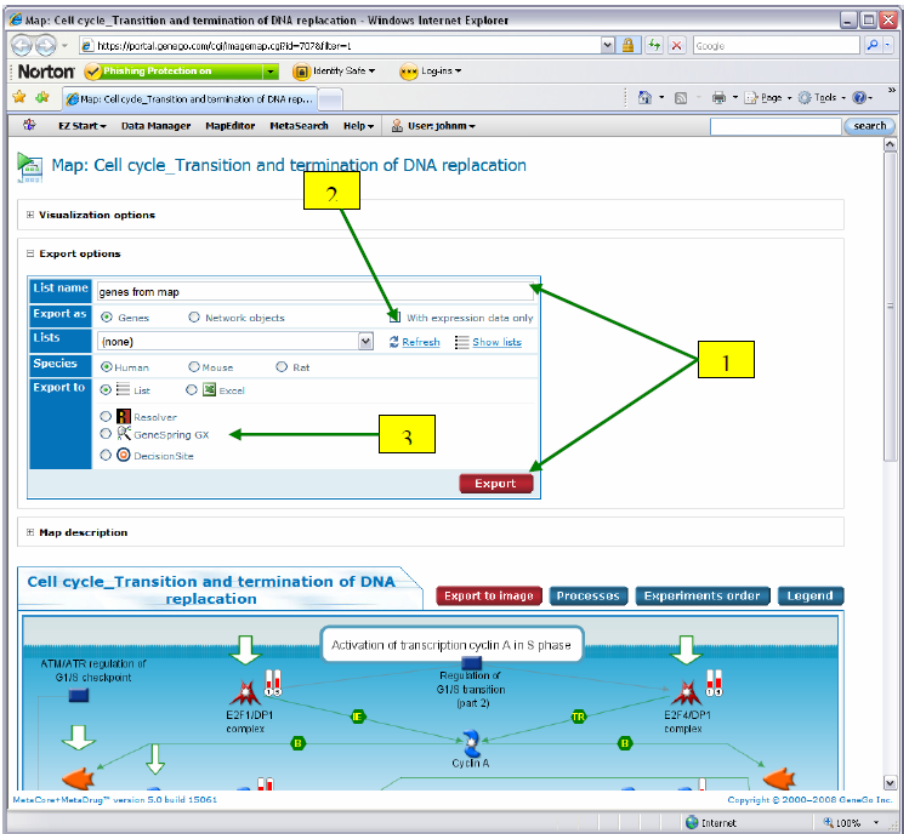


图 23: 1. 输入一个名称并单击 “Export” 保存基因列表；2. 勾选此复选框以导出表达的基因；3.选择要导出到的工具。

基因列表还可以从交集组导出富集分析工作流程和比较实验工作流程的工具。为此，右键单击交集栏并选择 “Export genes” (图 24)。在弹出的框中，为列表指定一个名称并单击 “OK”。然后，该列表将保存到 MetaCore 基因列表工具中。从右键菜单中也可以直接将基因导出到 Excel 文件。

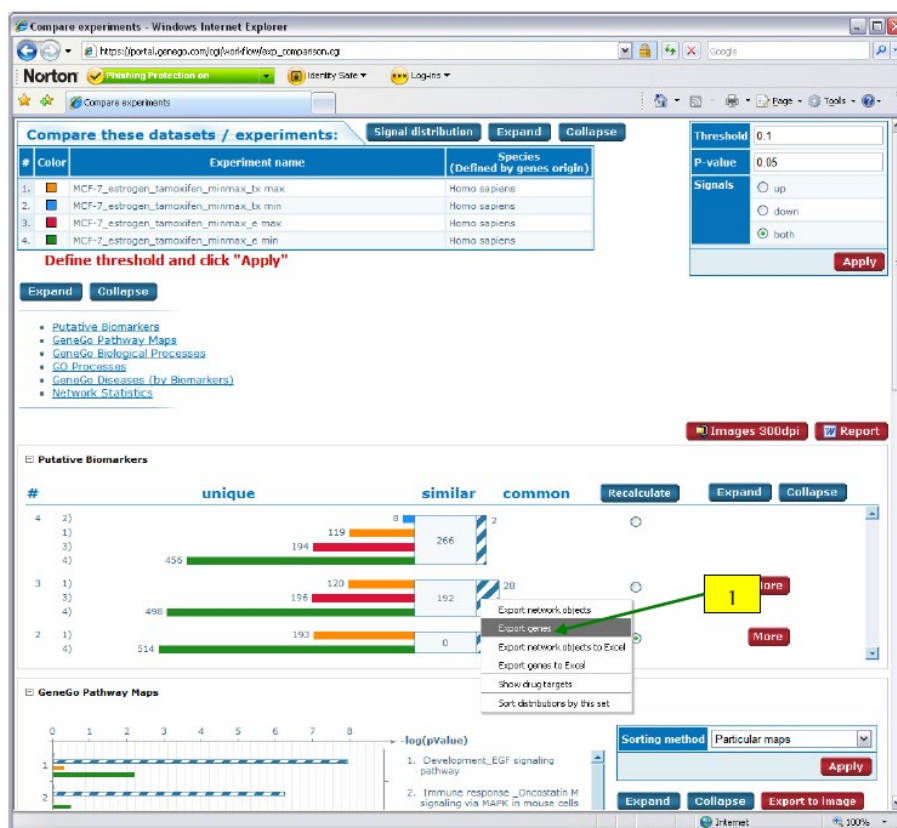


图 24: 1. 右键单击交集组以导出该组中的基因。

基因列表也可以从网络中导出。单击“Export lists of objects from network”标题打开导出面板。输出基因有多种选择。你不仅可以选择输出所有的基因或只表达基因；而且您也可以只导出根节点(那些最初用于构建网络的对象)、选定的节点和可见节点。在选中“Advanced mode”框后，可以访问其他选项。例如，要仅导出具有表达式数据的可见选定节点，请在“Selected nodes”下拉菜单中选择“Which nodes”，选中“Only visible nodes”框，选中“With expression data only box”框，为列表指定一个名称，然后单击“Export”（图 25）。

通过在“Export to”行中选择所需的选项并单击“Export”按钮，还可以将基因列表从网络导出到 Excel 文件或第三方工具“Rosetta Resolver”、“GeneSpring GX”和“Spotfire DecisionSite”。

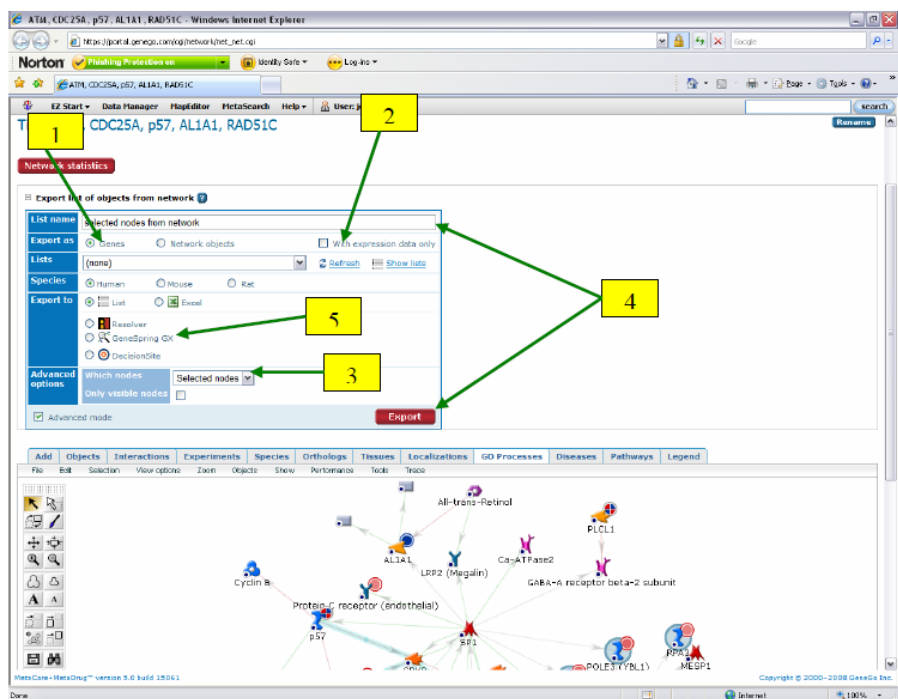


图 25: 1. 选择基因；2. 选中此复选框以仅导出表达的基因；3. 在这里选择导出所有、根节点或选定的节点；4. 给列表一个名称，然后单击“Export”保存列表；5. 基因可以输出到这里的第三方工具。

逻辑运算

逻辑操作工具可用于组合和比较基因列表。可以从数据管理器的“Tools”菜单中访问该工具。在使用该工具的第一步中，从左侧窗口选择您希望使用的基因列表，并单击“>>”按钮将其移动到右侧窗口。然后单击“Next”（图 26）。

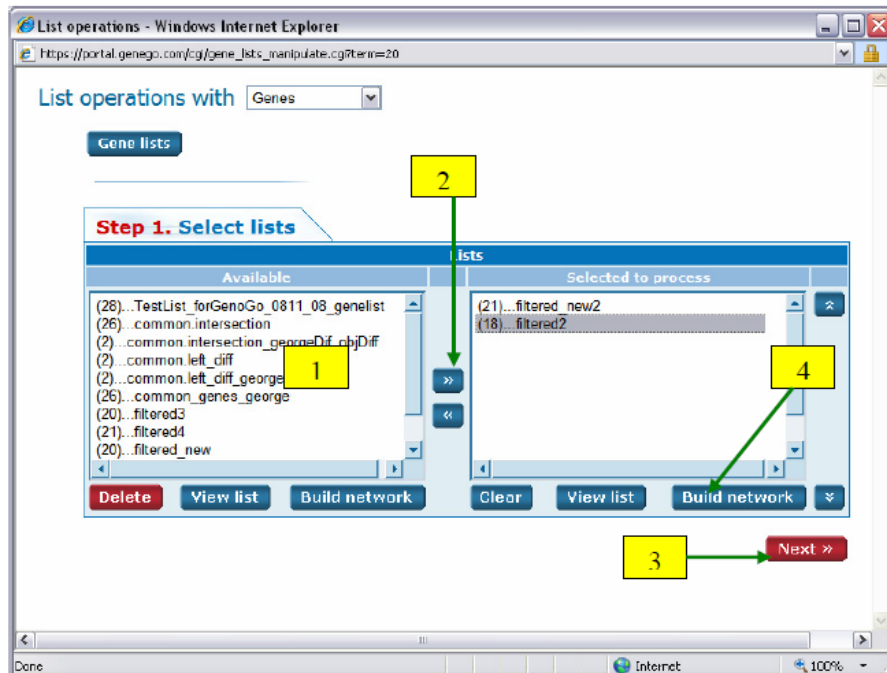


图 26: 1. 在左侧窗口中选择列表；2. 点击这里将它们移到右边；3.单击“Next”；4. 此外，您可以单击“Build network”按钮，从两个选择的列表构建网络，而不必将它们合并为一个列表。

在步骤 2 中，选择要使用的操作。操作类型包括并集（多个列表组合为一个），交集（创建一个列表的所有共有的基因），异或（在一个列表中创建一系列基因，但不是两个），左差异（减去在后续的基因列表第一个列表），差异列表（创建一个列表是基因的并集减去交集），和右差异（类似于左差异除了减法是最后的列表而不是第二个列表）。您还可以根据索引框中一个基因出现的列表数量创建一个列表。例如，如果您选择了四个列表，并希望查看其中三个或多个列表中出现了多少基因，请选择“>=”选项并在索引框中选择“3”。做出选择之后，单击 Next(图 27)。

在步骤 3 中，为列表指定一个名称并单击“Create list”。然后，这个新的列表将被添加到基因列表工具中。

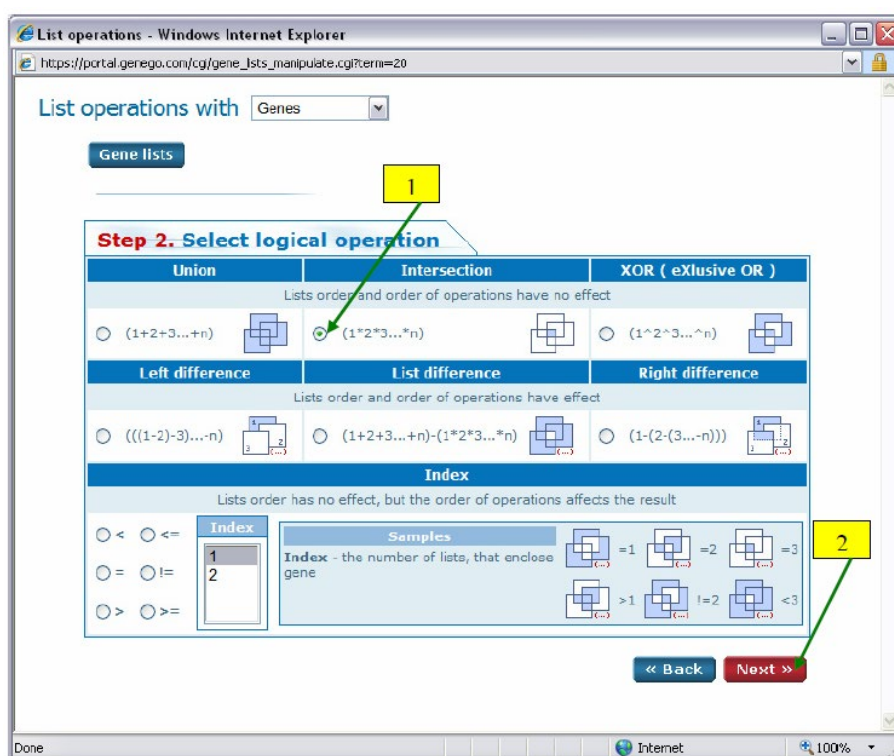


图 27: 1. 选择一个操作; 2. 单击 Next。

网络和网络图保存

网络图可以保存为两种格式：“Network”和“Netshot”。Netshot 保留了网络，它与任何映射的表达式数据一样。但是，已保存的网络不保留表达式数据，并且在更新 MetaCore 数据库时，将反映对网络上的对象或交互的任何后续更改。因此，如果您将网络同时保存为 Network 和 Netshot，您可以确切地看到它在创建时的样子（使用 Netshot），以及它在随后的元数据更新（使用 Network）中可能发生的变化。若要保存网络，请从“文件”菜单中选择“Save”或“Save as”。然后，在出现的窗口中，输入名称和可选描述；选择保存为 Network 或 Netshot；然后单击“Save”。您还可以通过选中或取消选中“Save hidden nodes and edges”框来选择保留或丢弃任何隐藏对象（图 28）。

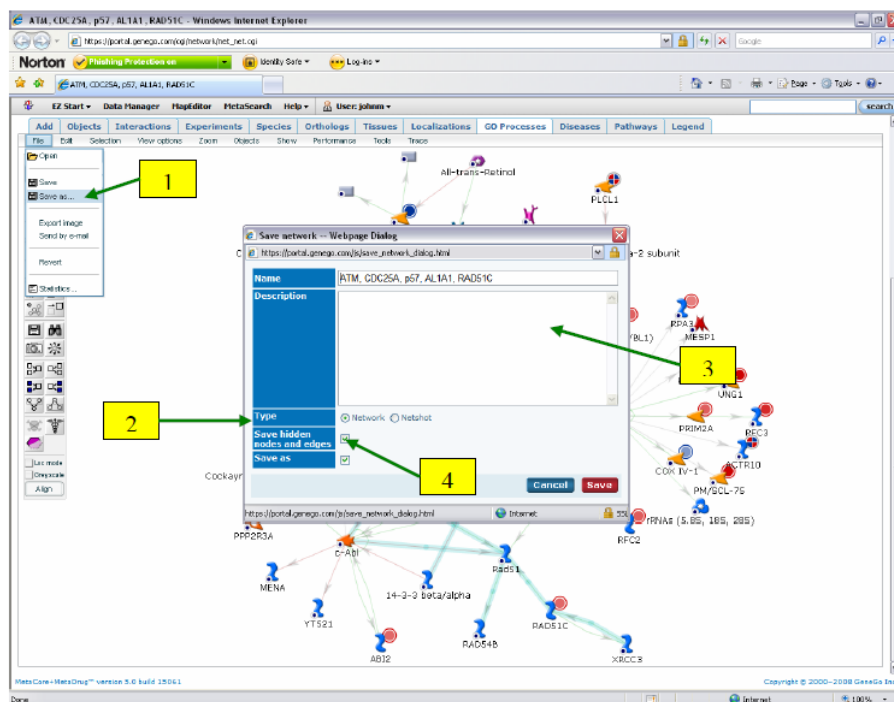


图 28: 1. 点击这里保存网络; 2. 选择“Network”或“Netshot”; 3. 输入名称和可选描述; 4. 选择在这里保存或丢弃隐藏对象。

也可以保存为高质量的图像 (300dpi) 的网络和通路图。若要保存网络图像, 请从“文件”菜单中选择“Export image”选项。在出现的框中, 选择一个分辨率并单击 OK (图 29)。然后浏览计算机上的位置以保存文件。图像文件类型为 PNG。

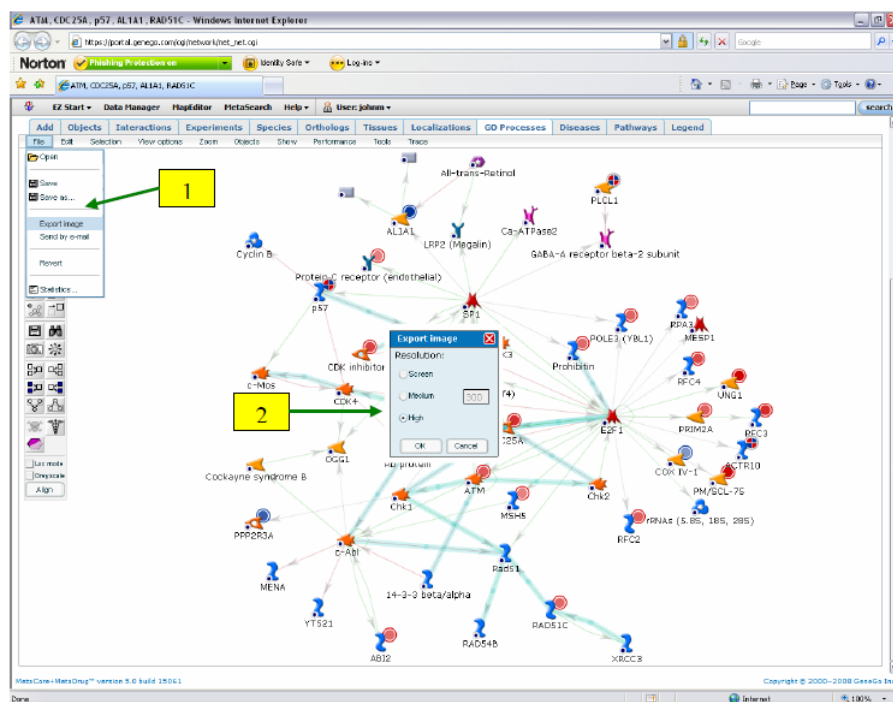


图 29: 1. 单击此处导出图像文件；2. 选择一个分辨率并单击 OK。

带有数据温度计（上调、下调的标记）的通路图像也可以导出到 PNG 文件中。为此，请单击“Export to image”按钮。在出现的窗口中，选择一个分辨率并单击 OK（图 30）。然后浏览计算机上的位置以保存文件。

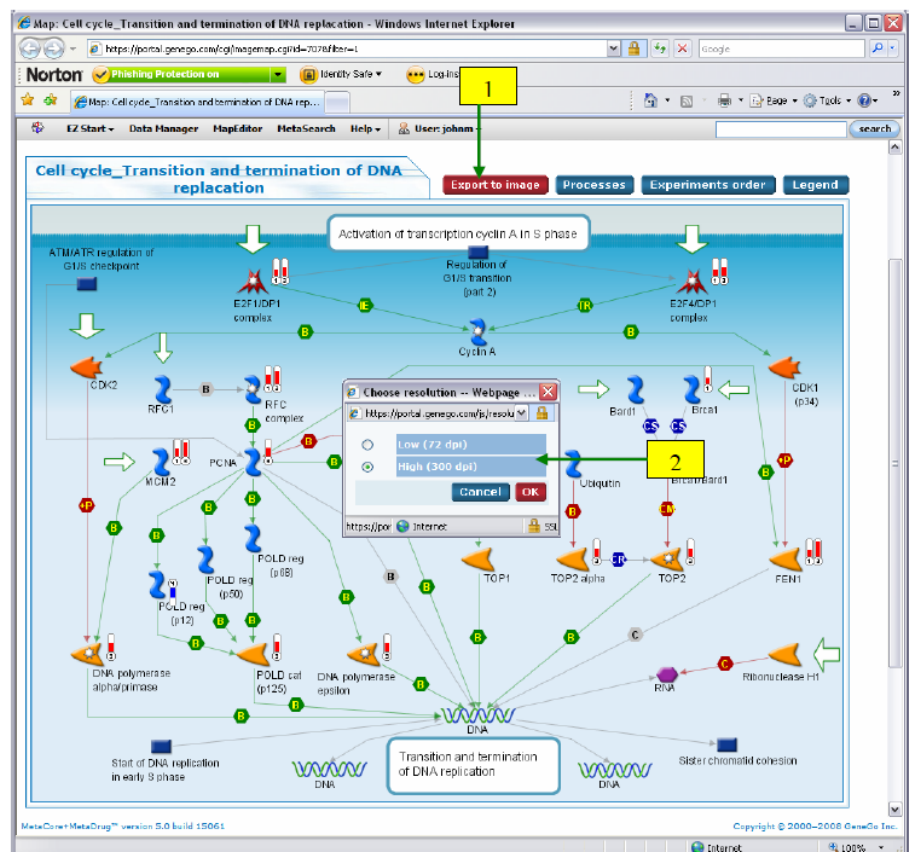


图 30: 1. 请按此保存带有数据温度计（上调、下调的标记）的通路图像；2. 选择一个分辨率并单击 OK。

数据共享

使用数据管理器，您可以与其他用户共享实验、基因列表和保存的网络。访问共享工具有两种方法。您可以通过左键单击实验后从文件菜单中单击“Share”，也可以右键单击实验并在上下文菜单中选择“Share”。弹出的窗口将显示一些关于实验的信息，以及一个搜索用户与之共享的字段。在搜索字段中输入用户名并单击“Search”。在结果中选择用户，点击“Add selected to list”。用户将出现在“Shared with”部分（图 31）。

有六个共享级别可用，依次是：

➤ 允许

OW：所有权，允许与它共享的用户将其共享给其他人并删除它。

WA：允许访问，这个级别允许共享它的用户重命名它并覆盖它。

RA：只读，此级别只允许与之共享的用户查看实验和相关通路图、网络等。

➤ 拒绝

OW：所有权，例如，如果您允许对整个文件夹拥有所有权，但是想要拒绝共享文件夹中某些单独实验的所有权，那么请选择此级别。

WA：访问，选择此级别可拒绝对具有共享文件夹的单个实验的写访问。

RA：只读，选择此级别可完全限制对共享文件夹中的文件的所有访问。

此外，如果您希望完全放弃将文件的所有权共享给其他用户，首先选择允许文件的所有者权限(OW)给其他用户，然后选中“**Refuse from ownership**”旁边的复选框并单击 **OK**。则您将不再拥有该文件的所有权。

您拥有的与其他用户共享的实验将在数据管理器中使用蓝色指针标记。与您共享的另一个用户拥有的实验，可以在共享数据文件夹中找到，它们将用一个绿色的图标标记。

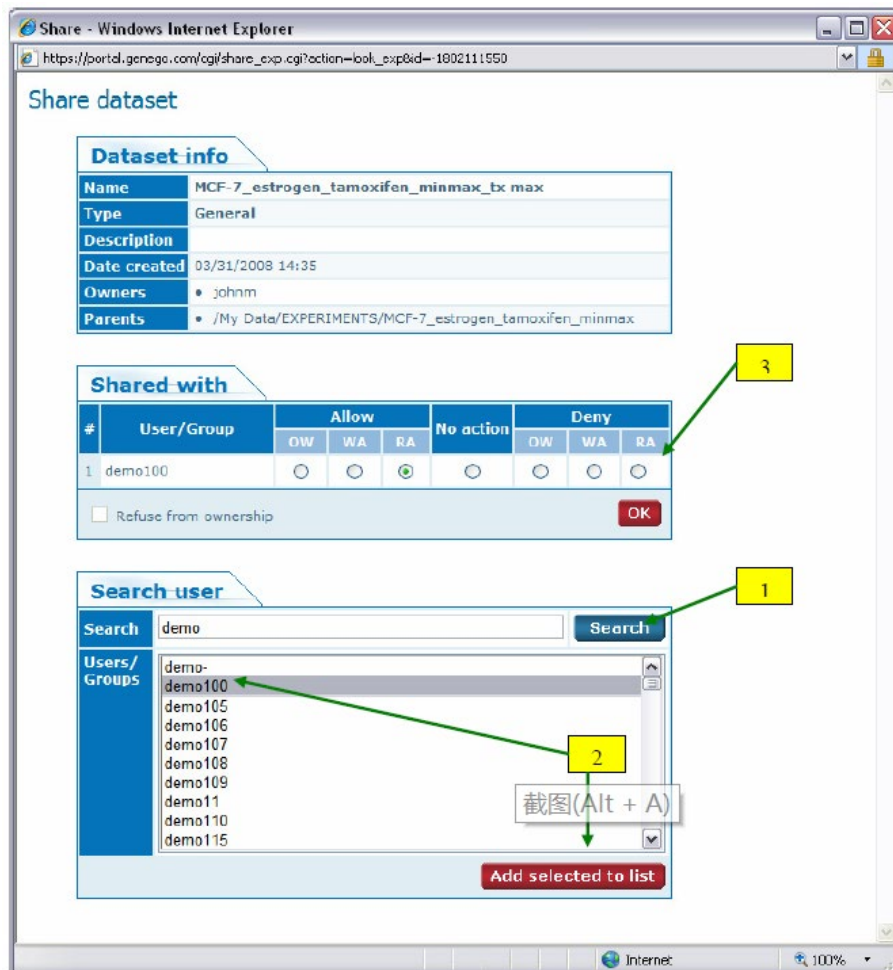


图 31: 1. 在这里搜索要分享的用户；2. 选择一个用户，点击“Add selected to list”；3. 设置共享级别并单击 OK。

除了分享实验外，还可以在数据管理器中右键点击实验，选择“Download file”，下载上传的原始文件。您还可以从右键菜单中选择“Export to Excel”选项将实验导出到 Excel（图 32）。该选项将创建一个 Excel 文件，其中包含所有已识别基因的基因符号和名称，以及上传的表达式数据。

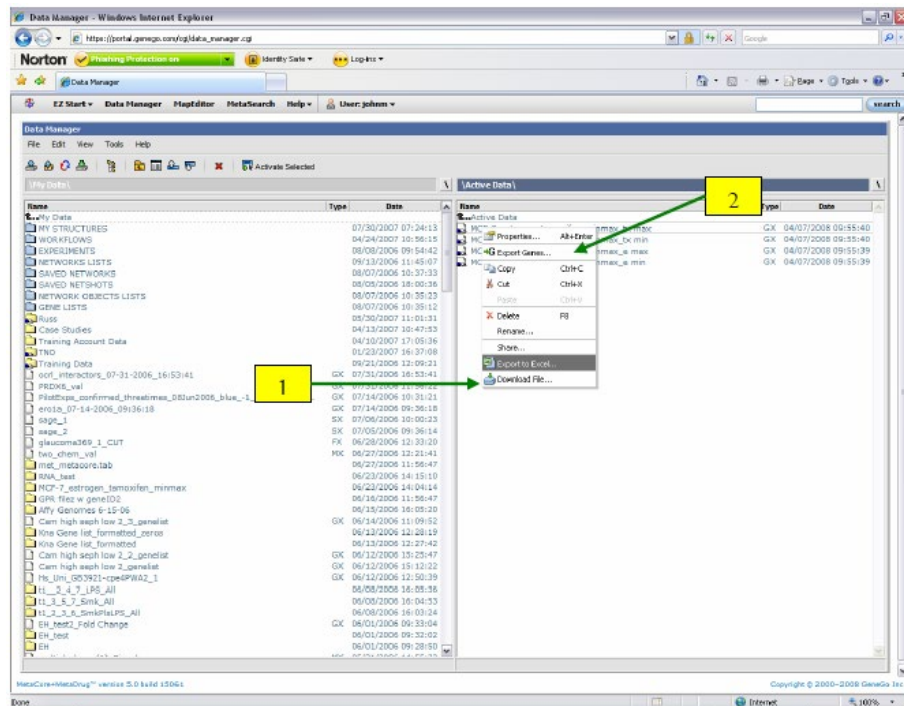


图 32: 1. 右键点击实验下载原始上传文件 (“Download file”) 或 “Export to Excel”; 2. 这个 “Export genes” 选项将在包含实验基因集内创建一个基因列表。