

GEO2R在线分析

1.访问与启动GEO2R



- 1.1 访问NCBI GEO网站并找到目标数据集
- 1.2 找到Analyze with GEO2R链接

2.样本分组与分析设置



- 2.1 根据实验设计将样本分配到不同的比较组
- 2.2 勾选样本并点击“Assign to Group1 and 2”按钮来创建对照组和处理组
- 2.3 在参数设置区域选择统计方法和参数
- 2.4 对数据进行线性模型拟合和差异表达检验

3.运行分析与查看结果



- 3.1 点击“Run GEO2R”按钮开始分析
- 3.2 根据分析结果和实验指标筛选差异表达基因

4.结果解读与生物学验证



- 4.1 检查上调和下调的基因是否与已知的生物学背景相符
- 4.2 进一步通过基因本体论(GO)富集分析和通路富集分析 (KEGG)

5.GEO2R的优势与局限

- 4.1 优点：无需安装任何软件，通过网页浏览器即可完成从数据加载到差异分析的全过程；GEO2R直接对接GEO数据库，不必自行处理原始测序文件，节省大量时间和计算资源
- 4.2 缺点：GEO2R提供的参数选项较少，无法进行复杂的实验设计分析

常见问题解析

1. 样本分组逻辑怎么选择？

进行两组比较时，必须先选择对照组（Control），再选择实验组（Case）。顺序颠倒会导致差异基因的上下调结果完全相反。

2. 样本重复要求

每组必须包含多个生物学重复（通常建议至少3个）。如果某组只有一个样本，分析会报错或无法进行有效的统计学检验。