

## KEGG富集分析

### 1. 安装和读取R包



#### 1.1 安装:

```
BiocManager::install(c("clusterProfiler", "org.Hs.eg.db", "pathview", "enrichplot", "DOSE", "tidyverse"))
```

#### 1.2 读取: library()

### 2. 数据预处理



#### 2.1 ID转换 (Symbol → Entrez) : bitr ()

```
unique(na.omit(id_map$ENTREZID))
```

```
2.3 检查转换率: cat("转换成功率:",  
round(length(degs_entrez)/length(gene)*100, 1), "%")
```

### 3. KEGG富集分析



#### 3.1 联网KEGG富集分析: enrichKEGG ()

#### 3.2 结果概览: head ()

### 4. 结果可视化



#### 4.1 富集条形图 (Top20通路) : barplot ()

#### 4.2 气泡图 (综合展示) : dotplot ()

```
4.3 通路网络图 (展示通路关联) : pairwise_termsim(kegg_res),  
emapplot ()
```

### 5. 导出与保存

#### 5.1 表格输出: write.csv ()

#### 5.2 保存R对象: saveRDS ()

## 常见问题解析

1. ID转换时出现基因缺少或Entrez ID转换失败怎么办？

① 基因名为别名、过时 Symbol 或拼写错误；② 检查未匹配基因 “ `unmapped <- setdiff(degs_symbol, id_map$SYMBOL)` ” ；③ 使用 AnnotationDbi 手动查询正确的基因名。④ 尝试其他 ID 类型（ENSEMBL, REFSEQ）。

2. 分析时出现网络超时问题怎么办？

① 首次运行 `enrichKEGG()` 需下载数据，若提示 `Error in download.KEGG..` 表明与 kegg 数据库连接出现故障；② 设置 R 会话超时时间： ``options(timeout = 600)``；③ 使用代理： ``Sys.setenv(http_proxy="http://proxy_ip:port")``；④ 使用本地 KEGG.db ， “ `if (!requireNamespace("KEGG.db", quietly = TRUE)) BiocManager::install("KEGG.db")` ”

library(KEGG.db) ” ；⑤ 或手动下载数据 “ `kegg_data <- clusterProfiler::prepare_KEGG("hsa", "KEGG", keyType="kegg")` ” 。