

Biopathways

easy-to-use инструмент для анализа
обогащения метаболических путей

- импорт данных (counts или LFC)
- выбор базы данных метаболических путей (PathwayDatabase)
- преобразование данных
- построение тепловой карты

Gene scores

<i>NT5C2</i>	1	2	1	1	7	6	7	8
<i>HMGA1</i>	11	11	10	9	44	43	40	38
<i>PCK1</i>	15	15	15	17	2	4	4	3
				...				
<i>PSIP1</i>	23	24	25	23	12	10	13	11
<i>ABCG2</i>	70	72	68	70	30	33	40	41
<i>LIG4</i>	0	0	0	0	2	1	3	2

Heatmap



Выбор базы данных (PathwayDatabase)

> Select pathway database



database:

hallmark



If you have chosen **custom** database, please define it below

pathway:

" Вставьте значение (text) "

Example: ACSL4 LPCAT3 ACACA PLA2G6

genes:

" Вставьте значение (text) "

Выбор базы данных (PathwayDatabase)

На текущий момент доступны следующие базы данных:

- hallmark
- canonical pathways
- reactome
- transcription factor targets
- custom (пользовательская база данных)

If you have chosen **custom** database, please define it below

pathway: " "

Example: ACSL4 LPCAT3 ACACA PLA2G6

genes: " "

Выбор метаболических путей для анализа

> Enter pathways



Example: REACTOME_APOPTOSIS, REACTOME_MTOR_SIGNALLING

pathways:

" "

Примечание: доступен поиск по ключевым словам и генам

> Search pathways



query:

" "

by_gene:

Построение тепловых карт

> Plot heatmaps



method: complete



metric: euclidean



Примечание: рекомендуется изменить значения аргументов **method** и **metric**, если результат кластеризации не удовлетворяет ожиданию

Результат

