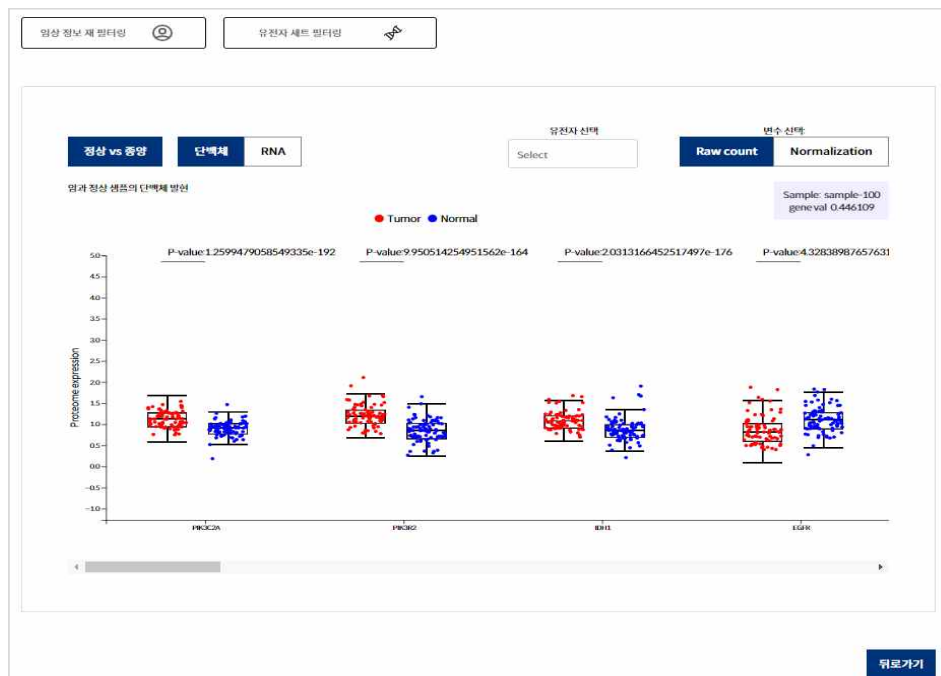


다중 데이터 시각화 가이드 - Box Plot

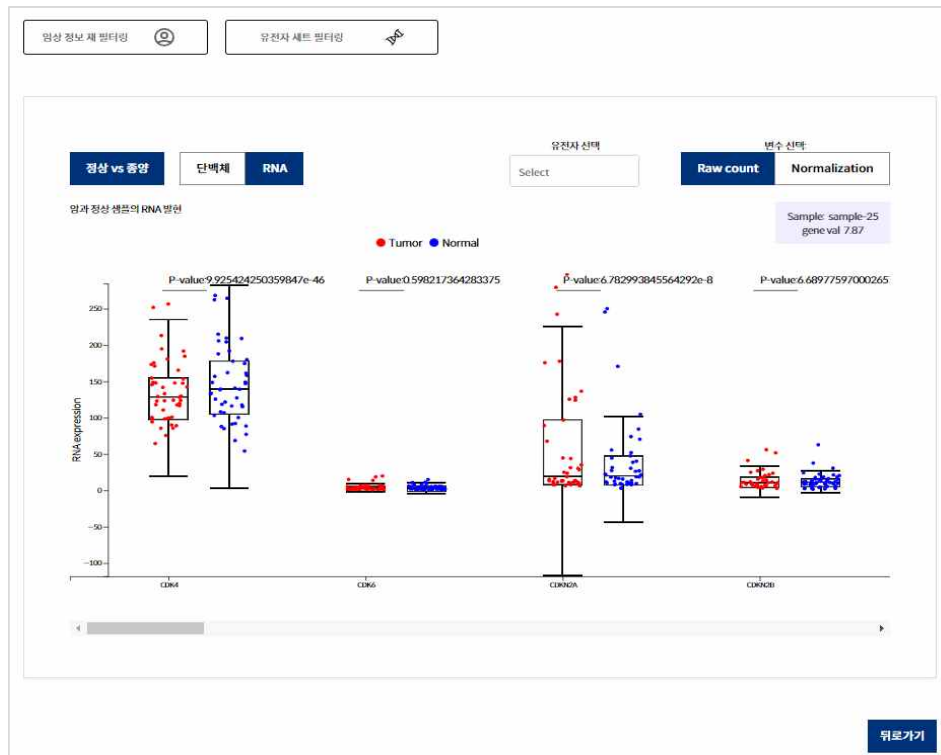
- . 시각화 가능한 오믹스 데이터 : RNA, Proteome
- . Box plot은 선택된 유전자의 단백질 풍부도 또는 RNA 발현 값 데이터의 기본 통계를 Box plot 형태로 보여줍니다. 최솟값, 최댓값, 1 사분위 수, 3 사분위 수, 이상치(outlier) 등을 나타냅니다.
- . [임상 정보 재 필터링]을 통해 원하는 샘플 조건으로 필터링할 수 있습니다.
- . [유전자 세트 필터링]을 통해 원하는 유전자에 대한 Box Plot을 그릴 수 있습니다.
- . 유전자 세트 필터링한 데이터 중 [유전자 선택]을 통해 원하는 유전자만 선택할 수 있습니다.
- . 선택한 유전자에 대해 정상(Normal)과 종양(Tumor) 타입으로 나눠 시각화합니다.
- . [변수 선택]을 통해 데이터를 Raw count 또는 Normalization 값으로 선택할 수 있습니다.
- . Box plot은 단백질체(Proteome)와 RNA 두 가지 탭으로 구성됩니다.
 - 1) 단백질체(Proteome) : Tumor 및 Normal 샘플에 대하여, 선택된 유전자의 단백질 풍부도를 Box plot 형태로 시각화
 - [플롯 종류]는 단백질체(Proteome)을 선택
 - X축 : 선택한 유전자
 - Y축 : 선택한 유전자의 샘플 타입 별 단백질 발현 값



< Box plot - 단백질체(Proteome) >

2) RNA : Tumor 및 Normal 샘플에 대하여, 선택된 유전자의 RNA 유전자 발현 값을 Box plot 형태로 시각화

- [플롯 종류]는 RNA를 선택
- X축 : 선택한 유전자
- Y축 : 선택한 유전자의 샘플 타입 별 유전자



< Box plot - 전사체(RNA) >