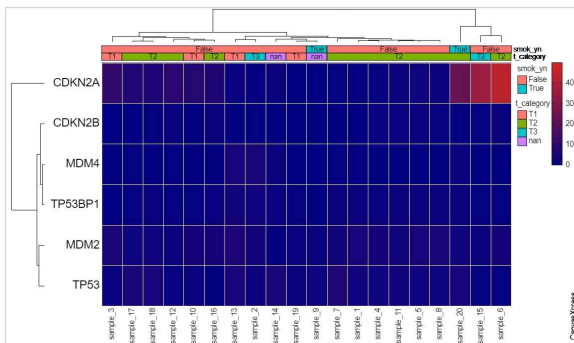


## 다중 데이터 시각화 가이드 - Heatmap

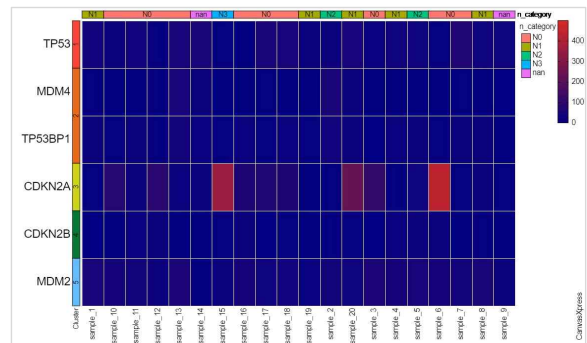
- . 시각화 가능한 오믹스 데이터 : Clinical Information, Methylation, RNA, Proteome, Phosphorylation
- . Heatmap은 단백 유전체 정보를 색상으로 표현하여 일정한 이미지 위에 열(Heat) 분포 형태로 나타내는 시각화 기법으로, 패턴이 유사한 샘플을 클러스터링(Clustering)하여 한눈에 파악할 수 있습니다.
- . [임상 정보 재 필터링]을 통해 원하는 샘플 조건으로 필터링할 수 있습니다.
- . [유전자 세트 필터링]을 통해 원하는 유전자에 대한 Heatmap을 그릴 수 있습니다.
- . 클러스터링 알고리즘을 선택할 수 있습니다.
  - Heatmap : Hierarchical clustering(계층 분석)
  - K-mean : K-means clustering
- . [임상정보속성 주석]에서 선택한 임상정보에 대해 히트맵에 주석을 나타낼 수 있습니다. 여러개의 임상정보를 선택해 나타내는 것이 가능합니다.
- . [변수 선택]에서 입력데이터를 Raw count 혹은 Normalization 중 하나를 선택할 수 있습니다.
- . [Color] 및 [Spectrum]을 통해 Heatmap 색상 및 스케일을 조정할 수 있습니다.
- . Heatmap은 RNA, Methylation, Proteome, Phospho 네 가지 탭으로 구성됩니다.

### 1) RNA Heatmap : RNA 유전자 발현 값을 히트맵 형태로 시각화

- [히트맵 종류 선택]은 RNA를 선택
- X축 : 샘플 ID
- Y축 : 선택한 유전자(세트)



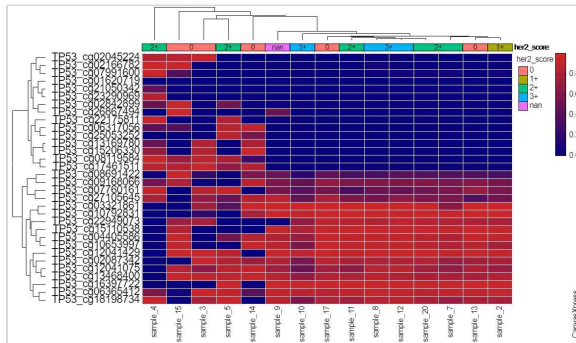
< RNA - Heatmap >



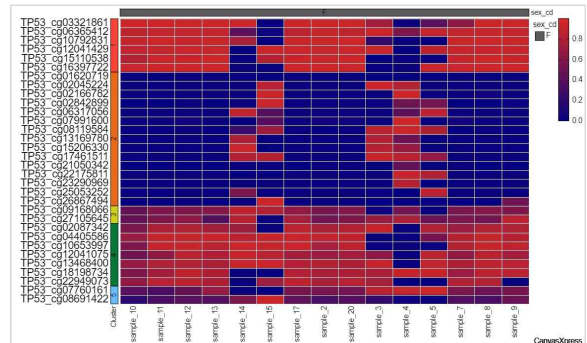
< RNA - K-mean >

## 2) Methylation Heatmap : DNA 메틸화 값을 히트맵 형태로 시각화

- [히트맵 종류 선택]은 Methylation를 선택
- X축 : 샘플 ID
- Y축 : 선택한 유전자(세트)의 Methylation site



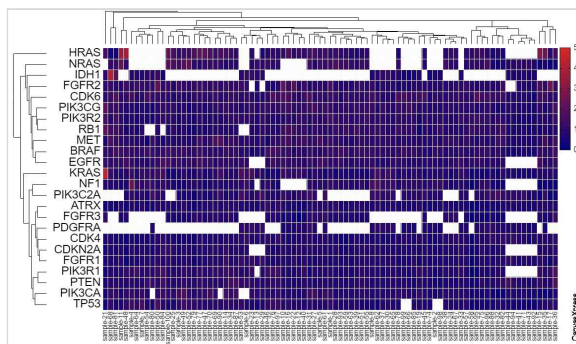
< Methylation - K-mean >



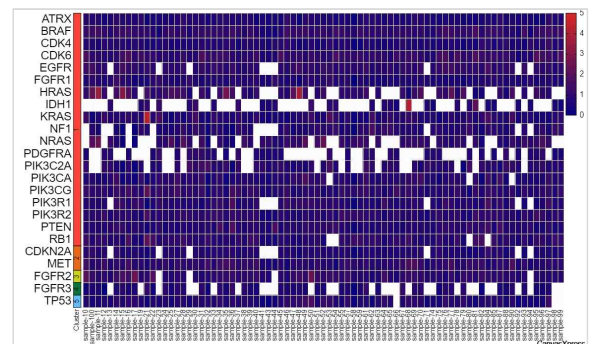
< Methylation - K-mean >

## 3) Proteome Heatmap : 단백질 풍부도를 히트맵 형태로 시각화

- [히트맵 종류 선택]은 Proteome을 선택
- X축 : 샘플 ID
- Y축 : 선택한 유전자 - Protein ID



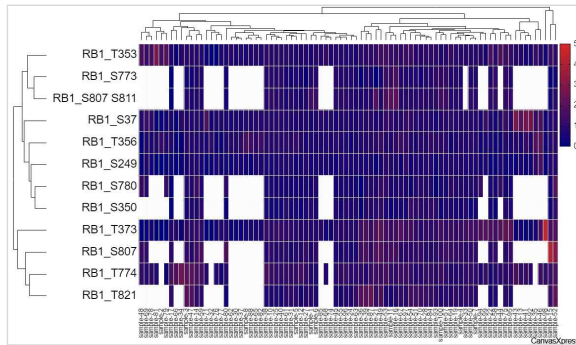
< Proteome - Heatmap >



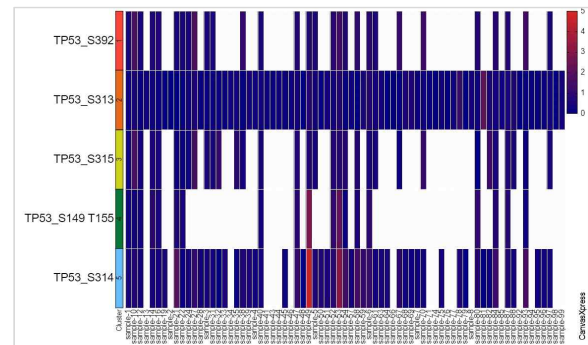
< Proteome - K-mean >

#### 4) Phosphorylation Heatmap : 단백질 인산화를 히트맵 형태로 시각화

- [히트맵 종류 선택]은 Phosphorylation을 선택
- X축 : 샘플 ID
- Y축 : 선택한 유전자 - 인산화 위치(S, T, Y Site)



< Phosphorylation - Heatmap >



< Phosphorylation - K-mean >