

KEGG 分析使用方法: (需要下载本地谷歌浏览器)

1. 查看当前谷歌浏览器的版本号: Chrome 地址栏输入 `chrome://version/`



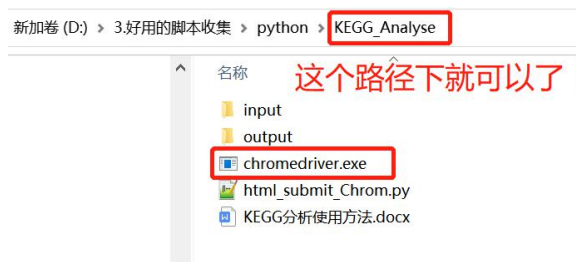
2. 在该网址下找到对应的谷歌版本号并下载: <https://npm.taobao.org/mirrors/chromedriver>, 解压得到 chromedriver.exe

89.0.4389.23/	2021-01-28T17:30:52.195Z	-
90.0.4430.24/	2021-03-17T16:49:45.070Z	-
91.0.4472.101/	2021-06-11T10:24:57.684Z	-
91.0.4472.113/	2021-04-22T20:18:16.657Z	-
92.0.4515.107/	2021-07-29T06:57:55.113Z	-
92.0.4515.13/	2021-06-11T09:57:52.862Z	-
93.0.4577.15/	2021-07-29T06:49:41.607Z	-

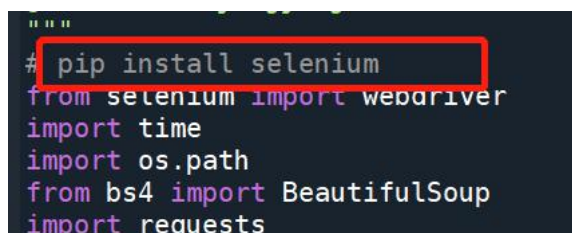
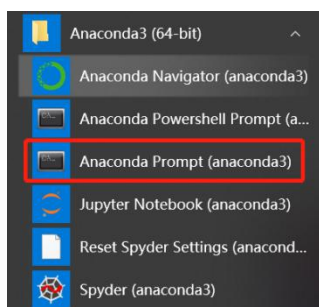
../	
chromedriver_linux64.zip	2021-06-11T09:57:52.862Z
chromedriver_mac64.zip	2021-06-11T09:57:55.556Z
chromedriver_mac64_m1.zip	2021-06-11T09:57:58.349Z
chromedriver_win32.zip	2021-06-11T09:58:00.891Z
notes.txt	2021-06-11T09:58:06.795Z



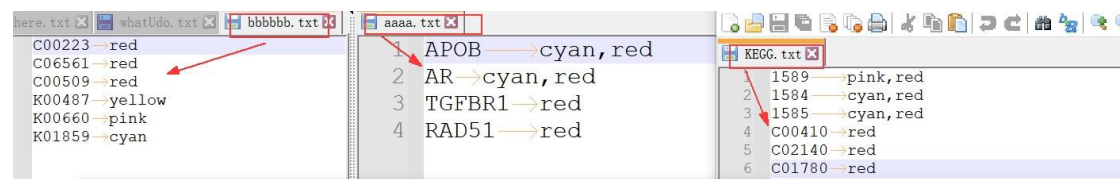
3. 将 `chromedriver.exe` 复制到 Python 的安装目录下。



4. 安装 `selenium`: Anaconda 安装的 python 在终端输入 `pip install selenium`



案例：



分别是物质 C 号，基因 K 号，genesymbol，entriize ID。

方法：

1. 输入要分析的物质、基因（可 entriize ID，symbol 等）
<https://www.kegg.jp/kegg/mapper/color.html> 该网址下可做的分析都可以做，形式如案例：

./KEGG_Analyse/input/KEGG.txt

./KEGG_Analyse/input/aaaa.txt

./KEGG_Analyse/input/bbbbbbb.txt

这 3 个文件会循环运行，应对项目有多组的情况。

2.py 脚本下参数设置，设置完之后直接运行即可（已经布置好文件位置，需补充 KEGG_Analyse 的完整路径）

os.chdir(r'./KEGG_Analyse') #脚本路径下存在 chromedriver

CUR_PATH = r'./KEGG_Analyse' #运行路径,input 的上级路径

species="hsa" #物种

3.分析结果保存在 KEGG_Analyse\output 文件夹下