

HOTNET2

崔泽嘉

<https://github.com/raphael-group/hotnet2> HOTNET2的使用 崔泽嘉 20170322

安装

Linux/Unix

[Python 2.7](#)

[NumPy 1.6.2](#)

[SciPy 0.10.1](#)

[NetworkX 1.7](#)

[h5py 2.4.0](#)

With a C compiler:

```
python hotnet2/setup_c.py build_src build_ext --inplace
```

<https://github.com/raphael-group/hotnet2/tree/master/example>

一个运行的例子

0. 准备

基因命名数据 (1 gene1) [example_gene_index.txt](#)

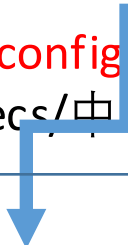
基因-基因交互数据 (i j 1) [example_edgelist.txt](#)

基因D-score (gene1 -15) [example.dscore](#)

基因重要性排序数据 (gene1 15) [example.heat](#)

1. 生成置换数据

python makeRequiredPPRFiles.py @example/configs/**influence_matrix.config** 得到10组置换
(打乱)后的基因-基因交互数据, 生成在example/influence_matrices/中



```
--prefix example
--gene_index_file example/example_gene_index.txt
--edgelist_file example/example_edgelist.txt
--beta 0.60
--output_dir example/influence_matrices/
--num_permutations 10 (生成10个文件夹, 放置置换关系)
```


<https://github.com/raphael-group/hotnet2/tree/master/example>

一个运行的例子

2. 运行

python runHotNet2.py @example/configs/simple.config

其中simple.config文件中有配置



```
--runname SimpleExample
--inmat_file example/influence_matrices/example_ppr_0.6.h5 （运行上一步骤后生成的）
--inmat_index_file example/example_gene_index.txt
--permuted_networks_path example/influence_matrices/permuted/###NUM###/example_ppr_0.6.h!
（运行上步骤后生成的10个文件夹）
--display_score_file example/example.dscore
--heat_file example/example.heat
--edge_file example/example_edgelist.txt
--output_directory example/output/simple
--delta_permutations 10
--significance_permutations 10
--network_name Example
```

<https://github.com/raphael-group/hotnet2/tree/master/example>

一个运行的例子

3. 可视化

进入/hotnet2-master/example/output/simple/viz文件夹

Terminal 打开网页服务器

```
python bin/makeResultsWebsite.py @example/configs/website.config
```

```
python identifyConsensus.py @example/configs/consensus.config
```

打开网页，输入

<http://localhost:8000>

