

Pathway-based visualization of cross-platform microarray datasets

Clemens Wrzodek^{1,*}, Johannes Eichner¹ and Andreas Zell¹

¹Center for Bioinformatics Tuebingen (ZBIT),
University of Tuebingen, 72076 Tübingen, Germany

Received on XXXXX; revised on XXXXX; accepted on XXXXX

Associate Editor: XXXXXXXX

ABSTRACT

[illegible][illegible]

Contact: clemens.wrzodek@uni-tuebingen.de

1 INTRODUCTION

Einleitung

Warum ist PW-basierte visualisierung, grade fr mehrere Datentypen, besser als UCSC genome browser oder anderes.

Related Work. Abgrenzung zu GenMAPP und Ingenuity, Cytoscape; Siehe auch Kohlbacher-Nils Paper, S. Symons paper (niseit). Gibt es ueberhaupt ein Tool, welches alle 4 Datentypen (miRNA, etc) visualisieren kann?

2 METHODS

Einleitender, kurzer Abschnitt, welcher auf Figure mit Alle-daten-in-1-graph zeigt.

2.1 Pathway visualization

Auf KEGGtranslator und generell (auch mehrere gene in 1 knoten, etc) Pathway visualisierung eingehen.

Clemens.

2.2 Visualization of messenger RNA expression data

1 wert berechnen. Knotenfarbe

2.3 Visualization of micro RNA expression data

erst auf Targets eingehen.

Dann wie targets in graph gefgt werden

Dann wie knoten eingefrbt werden.

Fig. 1. Caption, caption.

Fig. 2. Caption, caption.

2.4 Visualization of protein and protein modification expression data

Erklären, warum man Modifikationen nicht mischen darf; Auf Box-Visualisierung eingehen; erwähnen, dass auch normale Protein-Daten visualisiert werden können.

Johannes.

2.5 Visualization of DNA methylation data

Ein Wert nur als Hinweis, hier geht etwas [click gibt details?]. fold-change wird zu box von -2 bis +2, p-value im grunde ein bar-plot von 1 bis 0.00005 oder so...

Einzelner Wert mit binning und $\frac{\sum_{i=1}^n \log_2 x}{n}$, fr fold-changes oder so peak detection mglich und max. peak anzeigen.

Johannes.

2.6 OFFENE FRAGEN

Sollten wir hier einfaerbung nach enrichment p-values bzw. den "metabolic pathways"-pathway erwaechnen? Oder lieber fuer spaetere publikationen "aufspaaeren"?

3 RESULTS AND DISCUSSION

Gesamtkonzept und Ergebnisse / Bilder vorstellen

hier erwähnen, dass methoden in InCroMAP drin sind? oder lieber in conslutions?

4 CONCLUSION

TODO

ACKNOWLEDGEMENT

Text Text Text Text Text Text Text. Bofelli *et al.*, 2000 might want to know about text text text text

*to whom correspondence should be addressed

Funding: The research leading to these results has received funding from the Innovative Medicine Initiative Joint Undertaking (IMI JU) under grant agreement nr. 115001 (MARCAR project).

REFERENCES

Bofelli,F., Name2, Name3 (2003) Article title, *Journal Name*, **199**, 133-154.

Bag,M., Name2, Name3 (2001) Article title, *Journal Name*, **99**, 33-54.

Yoo,M.S. *et al.* (2003) Oxidative stress regulated genes in nigral dopaminergic neuron cell: correlation with the known pathology in Parkinson's disease. *Brain Res. Mol.*

Brain Res., **110**(Suppl. 1), 76–84.

Lehmann,E.L. (1986) Chapter title. *Book Title*. Vol. 1, 2nd edn. Springer-Verlag, New York.

Crenshaw, B.,III, and Jones, W.B.,Jr (2003) The future of clinical cancer management: one tumor, one chip. *Bioinformatics*, doi:10.1093/bioinformatics/btn000.

Auhtor,A.B. *et al.* (2000) Chapter title. In Smith, A.C. (ed.), *Book Title*, 2nd edn. Publisher, Location, Vol. 1, pp. ??-??.

Bardet, G. (1920) Sur un syndrome d'obesite infantile avec polydactylie et retinite pigmentaire (contribution a l'etude des formes cliniques de l'obesite hypophysaire). PhD Thesis, name of institution, Paris, France.