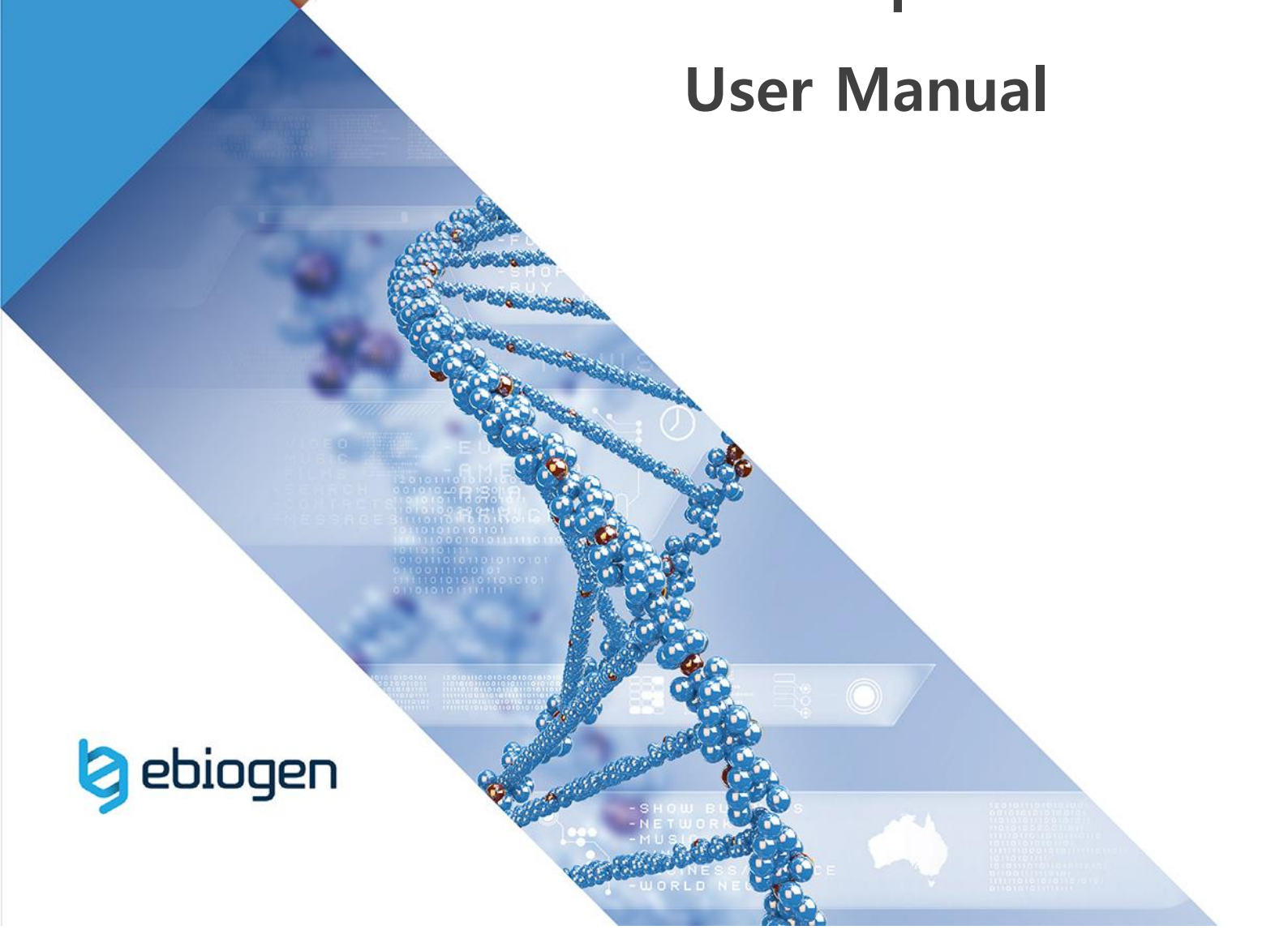


# ExDEGA Graphic+ v1.0

## User Manual



## < 목 차 >

**Introduction. ExDEGA Graphic+ v1.0**

**Function1. DAVID Graphic**

**Function2. Clustering Heatmap**

**Function3. PCA Plot 2D/3D**

# Introduction. ExDEGA Graphic+ v1.0

㈜이바이오젠은 Quant-Seq, mRNA-Seq, Total RNA-Seq 과 Microarray data를 DEG를 쉽게 시각화 할 수 있도록 분석보고 시 ExDEGA (Excel based Differentially Expressed Gene Analysis) 프로그램을 제공한다. 이와 함께 제공하는 ExDEGA Graphic+ 시각화 틀은 ExDEGA 또는 타 데이터 분석 프로그램에서 추출된 자료와 연구자 needs에 의해 customized 데이터를 이용하여 시각화 할 수 있도록 개발되었다.

ExDEGA Graphic+는 ExDEGA가 설치될 때 자동으로 같은 폴더에 ExDEGA\_Graphic+v1.0 라는 파일명으로 설치되며 편의를 위해 ExDEGA\_Graphic+v1.0 파일을 바로가기틀을 통해 이용할 수 있다.

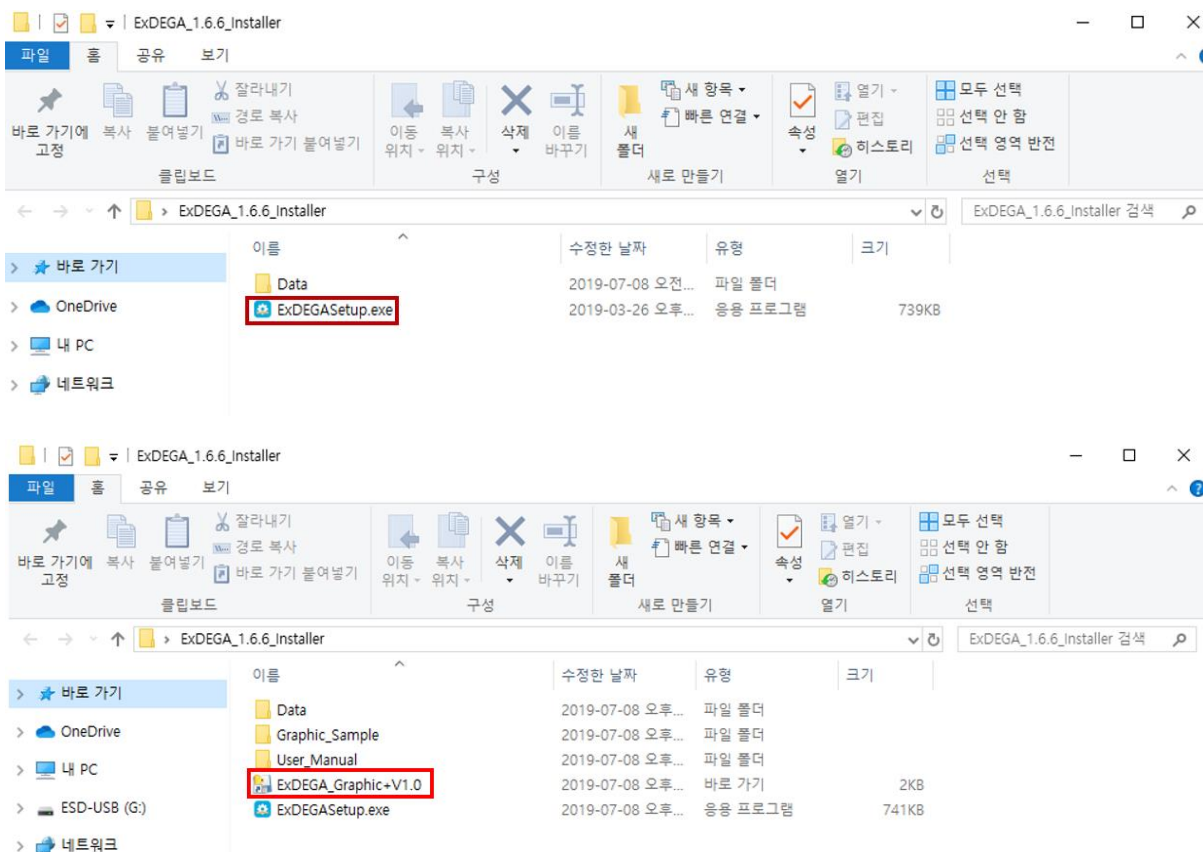


그림 0-1. ExDEGA Graphic+ 실행파일.

ExDEGA\_Graphic+v1.0.exe를 실행하면 ExDEGA Report를 Import 하여 프로그램 사용 인증을 받을 수 있는 ExDEGA Import 버튼과 각 그래픽 도구 버튼 구성으로 되어있다. (그림 0-2)

ExDEGA Import 버튼을 눌러 ExDEGA 형태의 Excel file을 불러오면, 유효성 검사 후에 입력되어 있는 파일의 이름이 뜬 후 아래의 그래픽 도구 버튼들이 활성화된다. 참고로 데이터 유효성 검사 소요시간은 약 15 ~ 20초 정도이다.

\* 참고로 ExDEGA Report 파일명에 공백이 있을 시 에러가 발생할 수 있다.

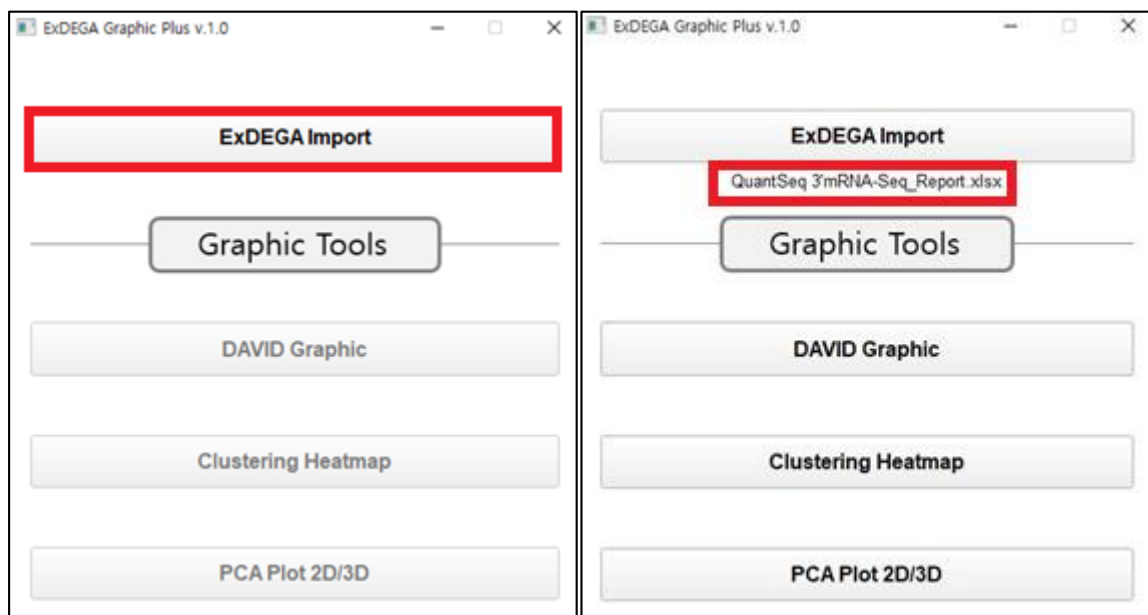


그림 0-2. ExDEGA Graphic+ Main 화면.

# Function1. DAVID Graphic

[File Download \(Sample file\)](#)

DAVID Graphic 항목에서는 웹 기반 DAVID의 분석 결과에 대한 유의성이 높은 Pathway 들에 대한 시각화 데이터를 제공한다. 1.0.0 버전에서는 Official Gene Symbol만 지원이 되지만 추후 업데이트에서 Accession Number도 분석이 가능하게 업데이트 될 예정이다.

1. DAVID Graphic 버튼을 클릭하면 DAVID\_Graphic의 서브 창이 열림.
2. DAVID output의 입력 데이터 형태는 DAVID 분석 후 결과 정보의 텍스트 파일을 입력.
3. DAVID input의 입력 데이터 형태는 ExDEGA Report의 Gene Symbol 열과 보고자 하는 비교 조합의 fold change 열을 입력.
4. Term select 항목에서는 DAVID 분석 결과 유의성 있는 GO Term을 기준으로 상위 n 개를 선택 가능함.
5. Count of Gene을 체크하게 되면, GO Term내의 증가/감소 된 유전자의 개수를 확인할 수 있음.
6. Percent of Gene을 체크하게 되면, GO Term내의 전체 유전자 중 증가/감소 된 유전자의 비율을 확인할 수 있음.
7. Graphic Chart 버튼을 누르면 5번 혹은 6번 항목에 대한 Chart가 그려 짐.

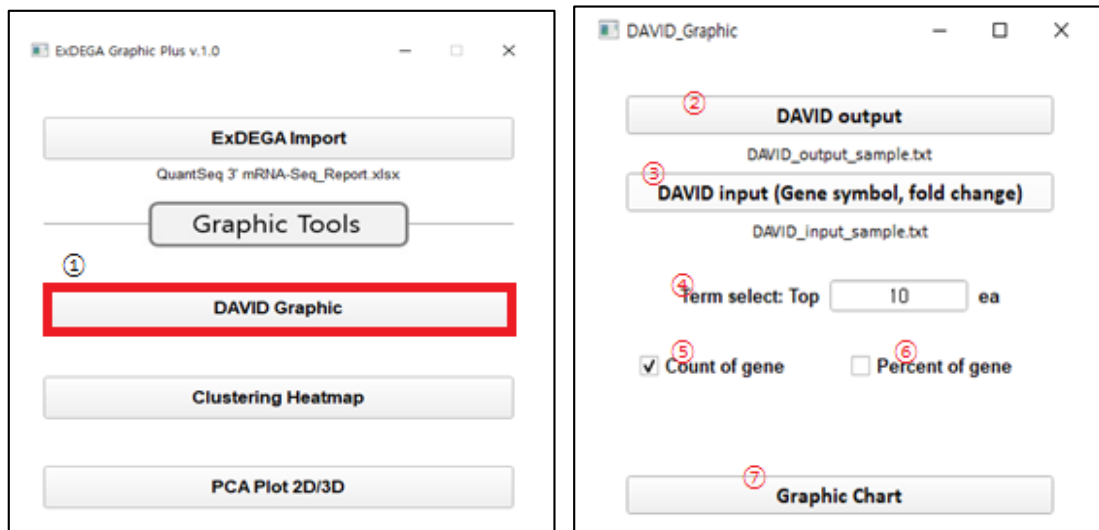


그림 1-1. DAVID Graphic.

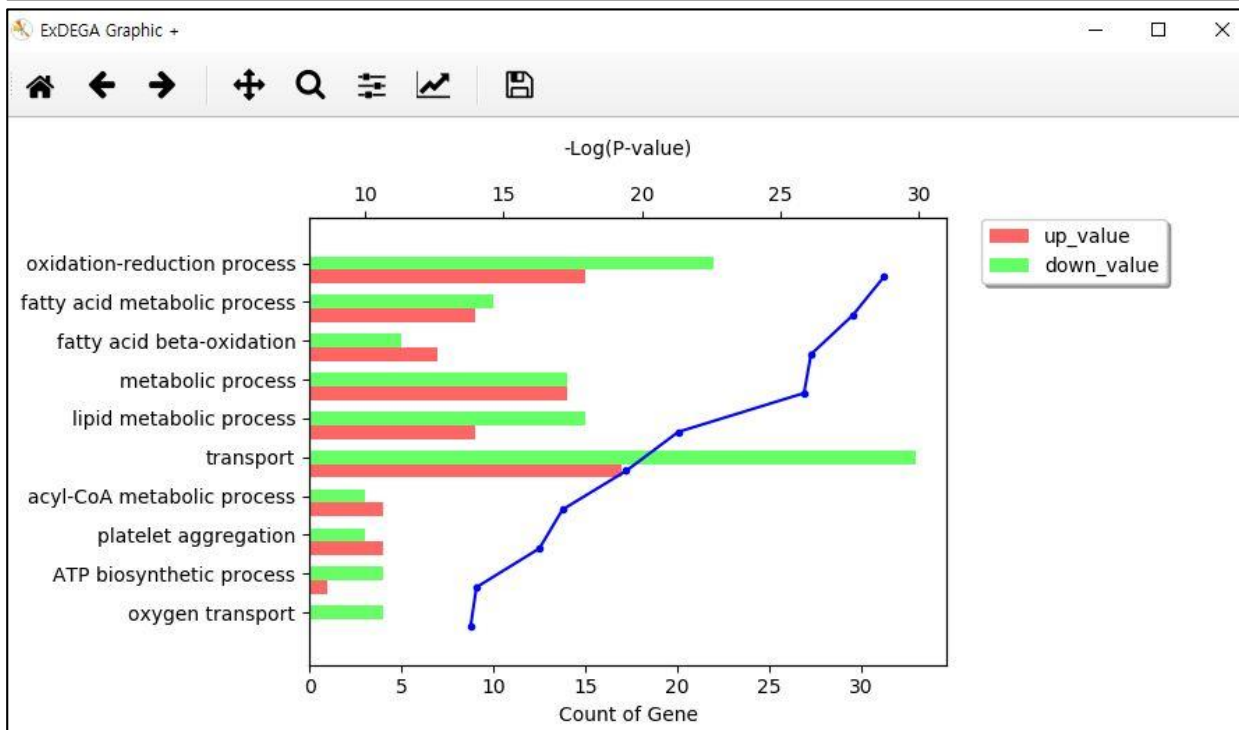
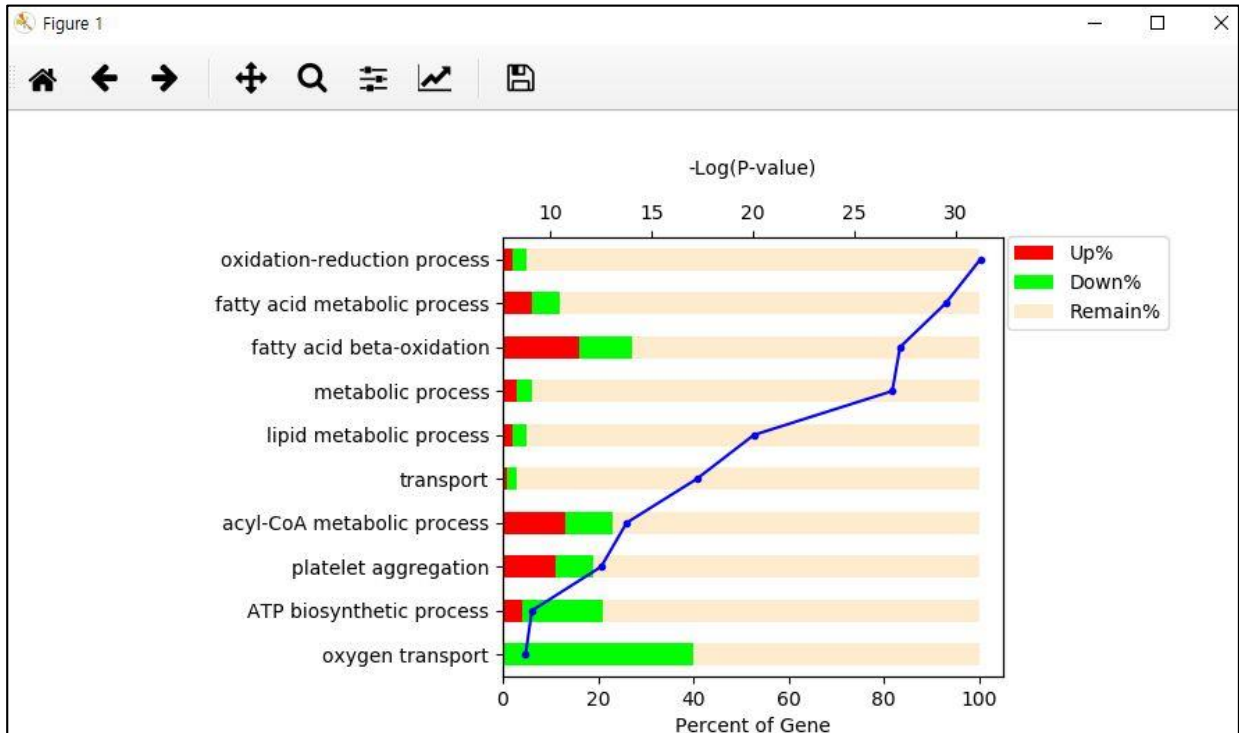


그림 1-2. DAVID graphic, Output 이미지. (상단: Cuont of gene, 하단: Percent of gene 기준)

## Function2. Clustering Heatmap

[File Download \(Sample file\)](#)

Clustering Heatmap 항목에서는 Clustering을 Hierarchical 방식으로 그려지고 Average로 계산되며 Euclidean Metric을 이용하여 데이터를 시각화 할 수 있다.

Clustering Heatmap 항목에 대한 input data는 ExDEGA의 Clustering Heatmap Support에서 Export한 데이터를 기반으로 사용할 수 있다. 파일을 input 하고 나면 Sample Cluster, Gene Cluster, Gene Name, Color scheme, Range 항목을 선택할 수 있다. 참고로 input 파일의 gene 개수가 80개를 초과하면 Gene Name 항목은 사용할 수 없게 된다. 하단의 Range를 체크 할 경우 Sample의 Fold change 값의 범위를 조절 할 수 있다. 이 때 입력한 MIN, MAX 값보다 작거나 큰 값들은 MIN, MAX 값으로 대체된다.

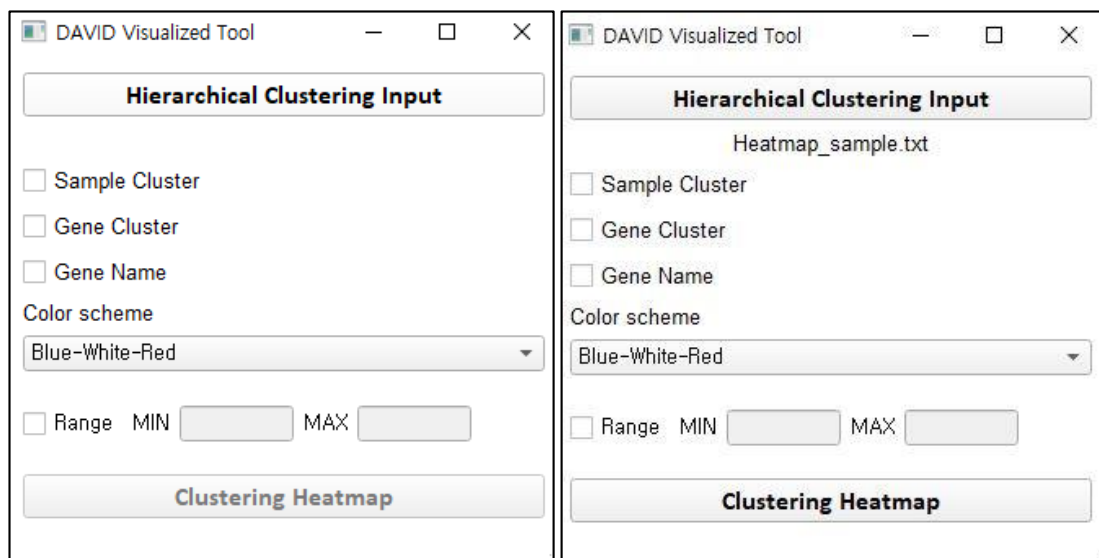
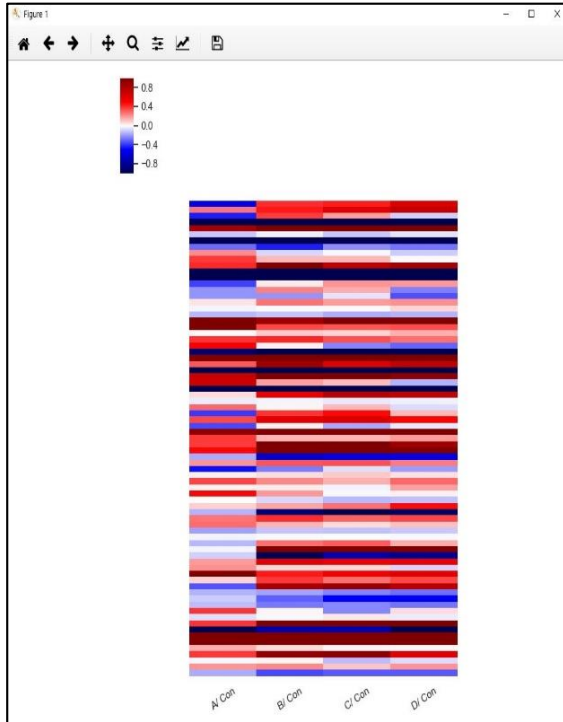
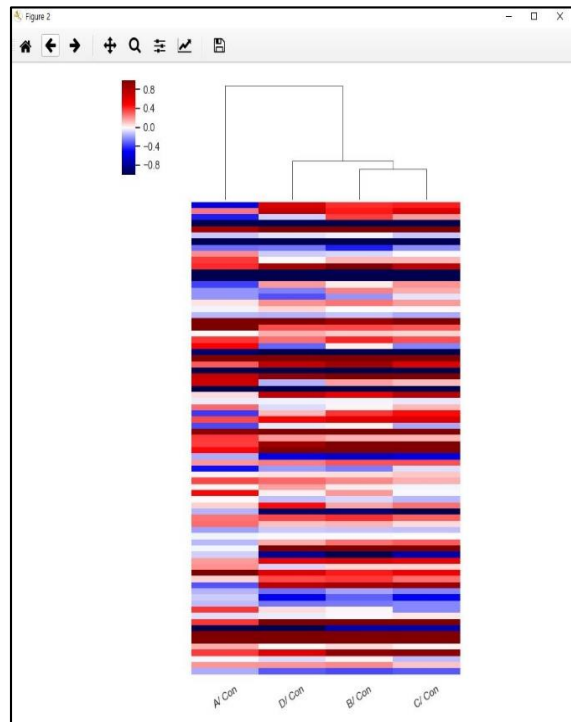


그림 2-1. Hierarchical Clustering input 화면.

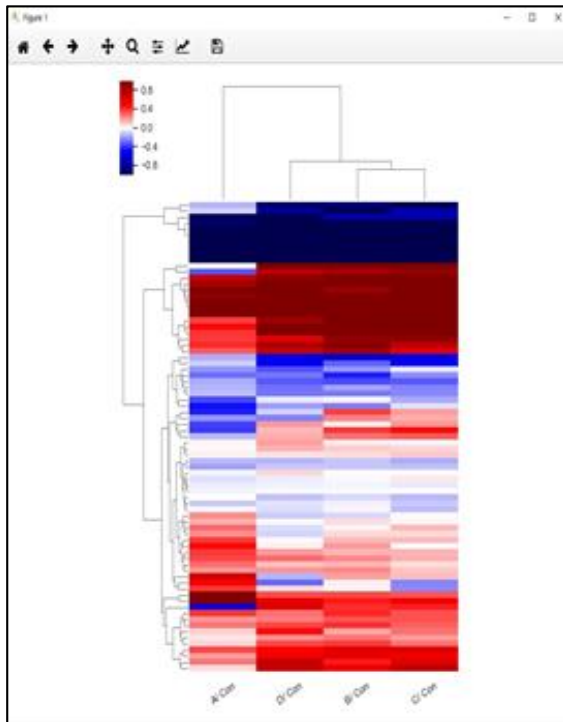
A. input 파일



B. Sample Cluster 선택



C. Sample Cluster, Gene Cluster 선택



D. Sample Cluster, Gene Cluster, Gene name 선택

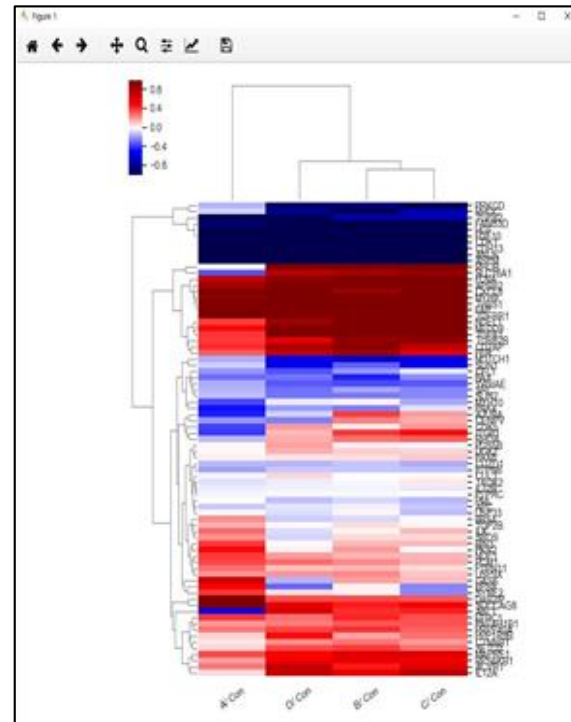


그림 2-2. Hierarchical Clustering 옵션에 따른 Output 이미지.



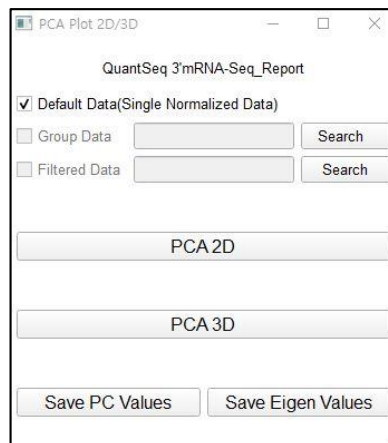
## Function3. PCA Plot 2D/3D

[File Download \(Sample file\)](#)

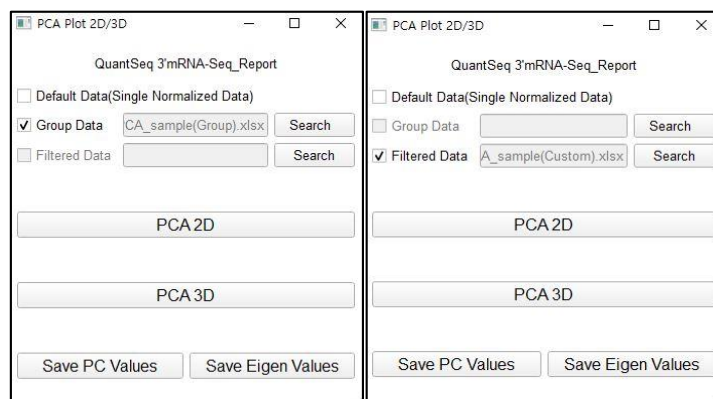
PCA (Principal Component Analysis; 주성분분석)는 ExDEGA report에서 Fold change 값을 기반으로 2D/ 3D Plot 으로 시각화, PC Value와 Eigen Value를 저장하는 기능을 제공한다.

ExDEGA Graphic+ 첫 화면에서 선택한 ExDEGA report 파일을 기반으로 각각의 샘플에 대한 PCA를 진행할 경우 Default Data 항목을 선택하고 PCA 2D 혹은 PCA 3D 버튼을 클릭하면 결과를 확인할 수 있다. 만약 원하는 Sample의 결과만 확인하고 싶을 경우 ExDEGA report에서 input 데이터를 만든 후, Filtered Data를 항목을 선택하고 Search 버튼으로 파일을 import하여 분석 할 수 있다. Group Data도 이와 같이 생성하여 Group Sample의 Group간의 PCA 2D /3D 시각화 하여 분석할 수 있다.

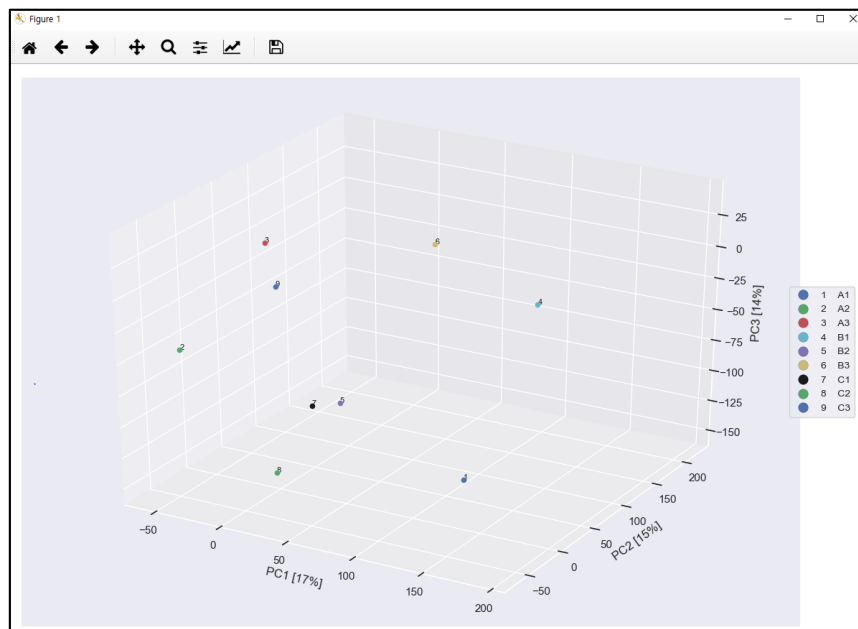
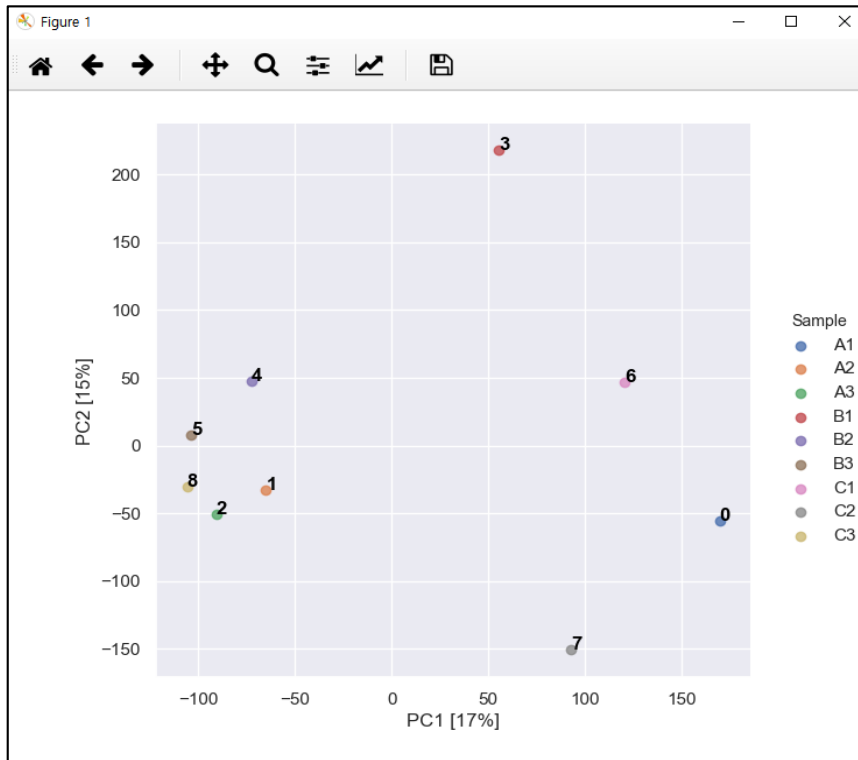
- Default Data(Single Normalized Data) 항목은 첫 화면에서 선택한 ExDEGA Report의 모든 Sample에 대한 Normalized Data로 PCA 분석을 진행한다.



- Group Data와 Filtered Data는 우측 Search 버튼으로 파일을 입력하면 활성화된다.



3-1. PCA plot 화면



3-2. PCA output 이미지 (상단: 2D, 하단: 3D)