CNS经典图复刻01-涡虫基因组图片复刻

我们不仅解读CNS文章，也帮您复刻CNS的图片。

2018年1月24，*Nature*杂志背靠背发表两篇基因组文章，分别是美西螈和地中海圆头涡虫基因组。其中涡虫基因组的Figure1 令人印象深刻。研究者用树图方式，展示基因组组装的连续性，并且比较了新旧组装版本的连续性，体现了新版组装在完整性上的优越。

其中图片如下：

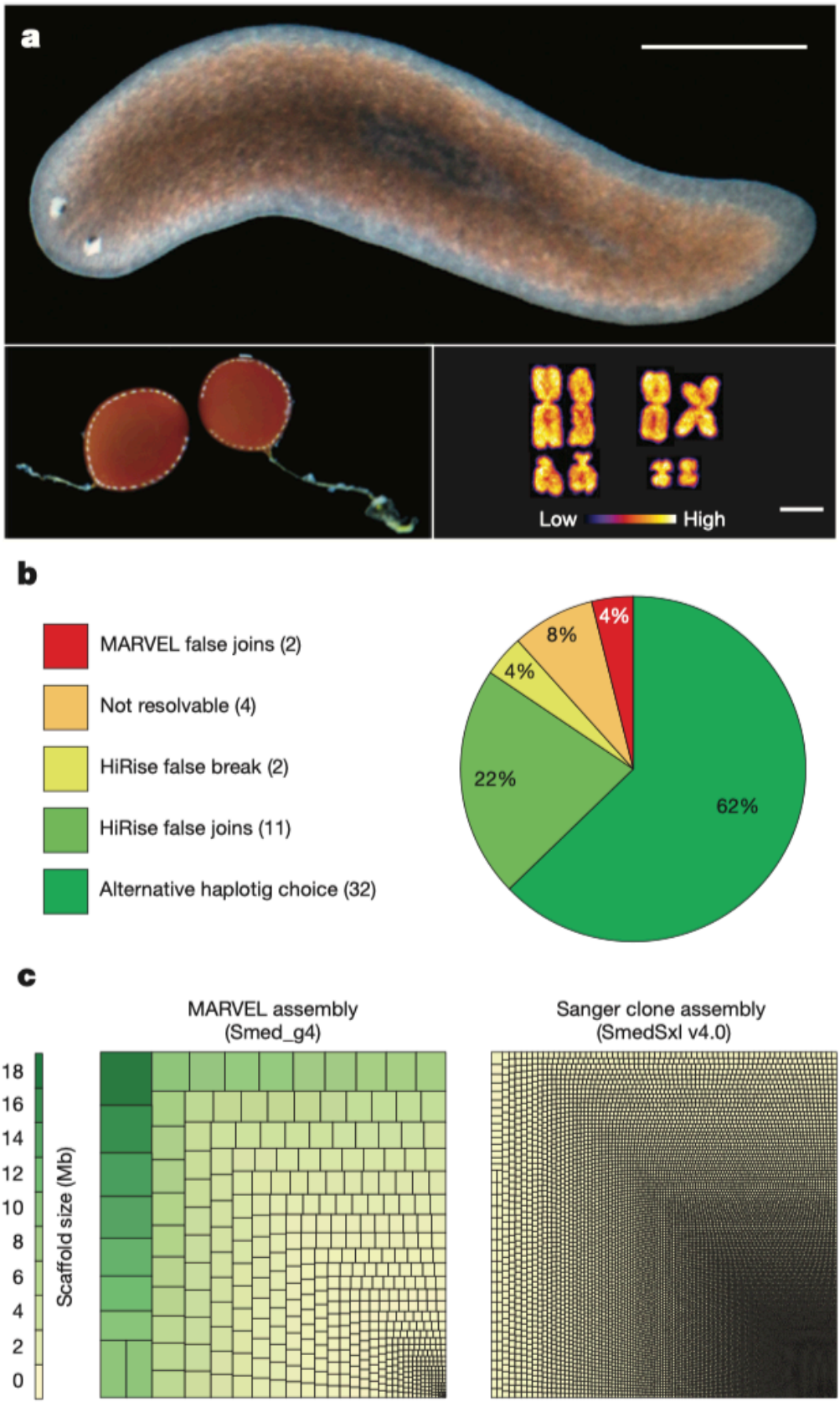


Figure 1 | Long-range contiguous genome assembly of *S. mediterranea*.

今天我们就来复刻Figure1中的图c，并且顺便也复刻一下图b。

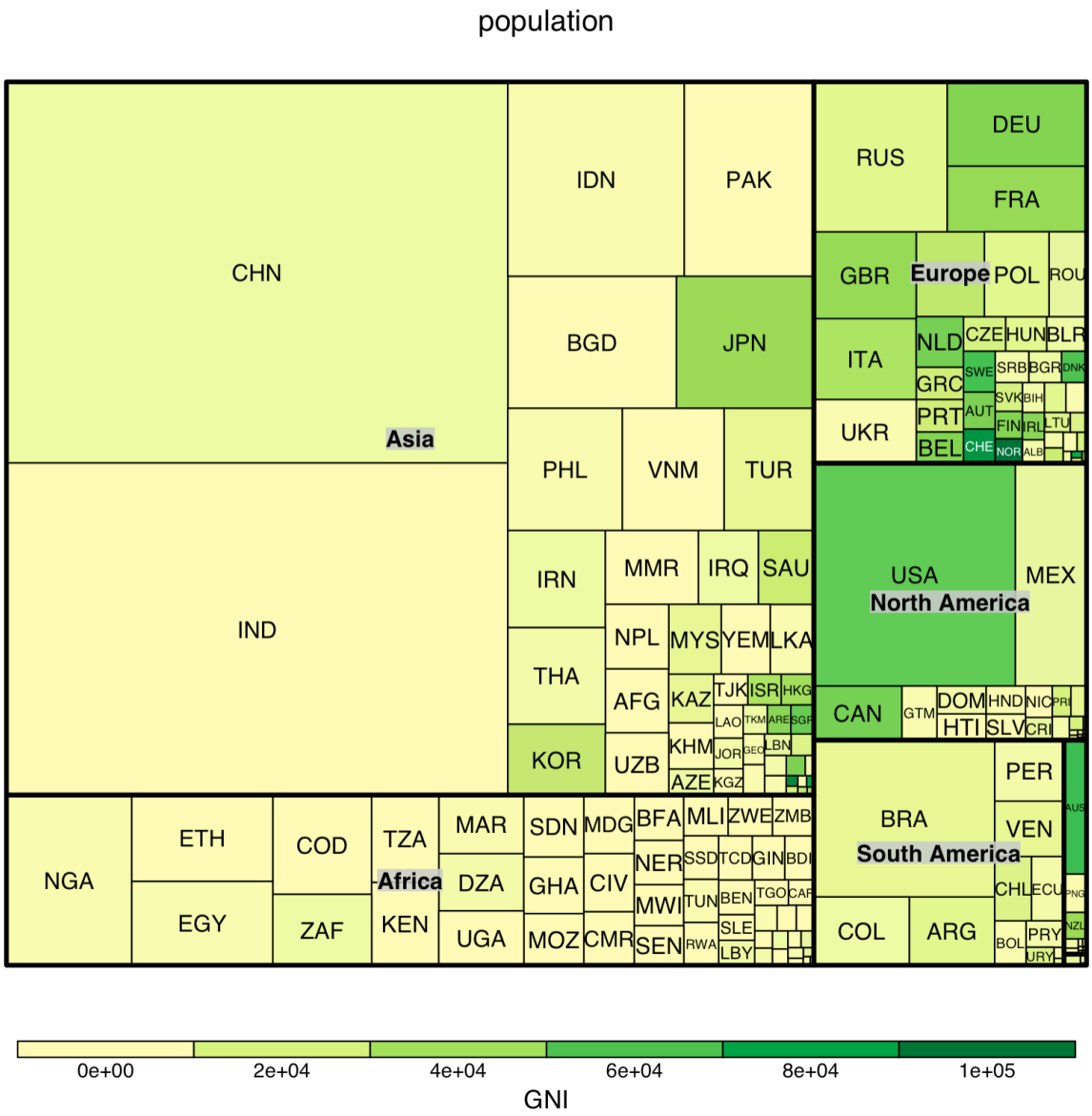
Figure1c展示组装连续性非常直观，比N50,N90这些干巴巴的数据更有说服力。这幅图到底是用什么方法做的呢？好在作者直接在题注中直接说了是Treemap。

Figure 1 | Long-range contiguous genome assembly of *S. mediterranea*. **a**, Top, individual of the sequenced sexual strain. Bottom left, egg cocoons. Bottom right, karyotype ($2N = 8$). Scale bars, 2 mm (top) and 2.5 μm (bottom right). **b**, Chicago quality control of the assembly. **c**, Treemap comparison between the MARVEL *S. mediterranea* assembly and the most contiguous existing Sanger *S. mediterranea* assembly[10]. Squares encode the relative contributions of individual scaffolds or contigs to assembly size.

treemap是一个R包，用来可视化多维度层级数据。用来展示基因组长度完全是大材小用。

废话不多说，直接上treemap的示例图及代码：

```
##绘制treemap图
library(treemap)
data('GNI2014')
treemap( GNI2014,
        index=c('continent','iso3'),
        vSize='population',
        vColor='GNI',
        type='value'
)
```



> 这幅图展示了两个维度的两组数据。全球5大洲及主要国家的人口总数和国民总收入（GNI）。染色代表GNI，方块大小代表人口数量。粗线条方框和细线条方框分别代表洲和国家。这样的展示方式是不是很直观?

回到正题，我们先来下载文章涉及到的两个基因组（文章中有下载地址，另外数据已经上传到百度网盘），并且统计基因组大小。

新旧基因组文件分别是 *GCA_002600895.1_ASM260089v1_genomic.fna*和*SmedSxl_genome_v4.0.nt*

- 首先统计基因组大小，为了方便展示，转成Mb。
  - perl版本

```perl
#! /usr/bin/perl -w
use strict;
die "perl  $0 infa > outfile\n" unless @ARGV == 1;
open IN,$ARGV[0] || die;
$/=">";<IN>;$/="\n";
while(<IN>){
        chomp;
```

```
        my $id = (split /\s+/,$_)[0];
        $id =~ s/^>//;
        $/=">";chomp(my $fa=<IN>);$/="\n";
        $fa =~ s/\n+//g;
        my $len = length $fa;
        my $len2 = sprintf "%.2f",$len/10**6;
        print join ("\t",$id,$len,$len2),"\n";
}
close IN;
```

- python版本

```
#! /usr/bin/env python
import sys
if len(sys.argv) < 2:
    print (f"python {sys.argv[0]} infa > outfile")
    sys.exit()
seq={}
with open(sys.argv[1],'r') as f:
    for line in f.readlines():
        if line.startswith('>'):
            seqName = line.replace('\n', '')
            seq[seqName]=[]
        else:
            seq[seqName].append(line.strip('\n'))

for k, v in seq.items():
    seq[k] = ''.join(v)
    leng = len(seq[k])
    k = k.replace('>','').split(' ')[0];
    len2 = "{:.2f}".format(leng/10**6);
    print (f"{k}\t{leng}\t{len2}")
```

统计文件格式如下，三列分别是scaffoldID，序列长度 (bp)和序列长度（Mb）。

```
NNSW01000001.1  17761579        17.76
NNSW01000002.1  15887157        15.89
NNSW01000003.1  14519938        14.52
NNSW01000004.1  13936720        13.94
NNSW01000005.1  12604449        12.60
NNSW01000006.1  11702271        11.70
NNSW01000007.1  9761907 9.76
NNSW01000008.1  9625982 9.63
NNSW01000009.1  9532137 9.53
NNSW01000010.1  9526734 9.53
NNSW01000011.1  8945694 8.95
NNSW01000012.1  8756199 8.76
NNSW01000013.1  8647213 8.65
NNSW01000014.1  8012948 8.01
```

- 安装treemap包：`install.packages('treemap')`
- 直接贴1c左图的R代码

```r
##新版基因组长度分布，Figure 1c.left
library(treemap)
test <- read.table('new.fa.stat',header = F,sep = '\t')
pdf("Smed.treemap.left.pdf")
treemap(test,index=c('V1'),
        vSize='V3',
        vColor='V3',
        type='value',
        force.print.labels=F,
        title="MARVEL assembly\n(Smed_g4)",
        title.legend='Scaffold size(Mb)',
        fontsize.labels=100,
        lowerbound.cex.labels=1,
        range = c(0,18),
        mapping = c(-18,0,18),
)
dev.off()
```

- 1c右图的R代码

```r
##旧版基因组长度分布，Figure 1c.right
```

```
library(treemap)
test1 <- read.table('old.fa.stat',header = F,sep = '\t')
pdf("Smed.treemap.right.pdf")
treemap(test1,index=c('V1'),
        vSize='V3',
        vColor='V3',
        type='value',
        force.print.labels=F,
        title="Sanger clone assembly\n(SmedSxl v4.0)",
        title.legend='Scaffold size(Mb)',
        fontsize.labels=100,
        lowerbound.cex.labels=1,
        range = c(0,18),
        mapping = c(-18,0,18),
)
dev.off()
```

> 由于旧版基因组scaffold数目太多，导致作图比较慢，大概要20分钟左右。

这幅图要点如下：

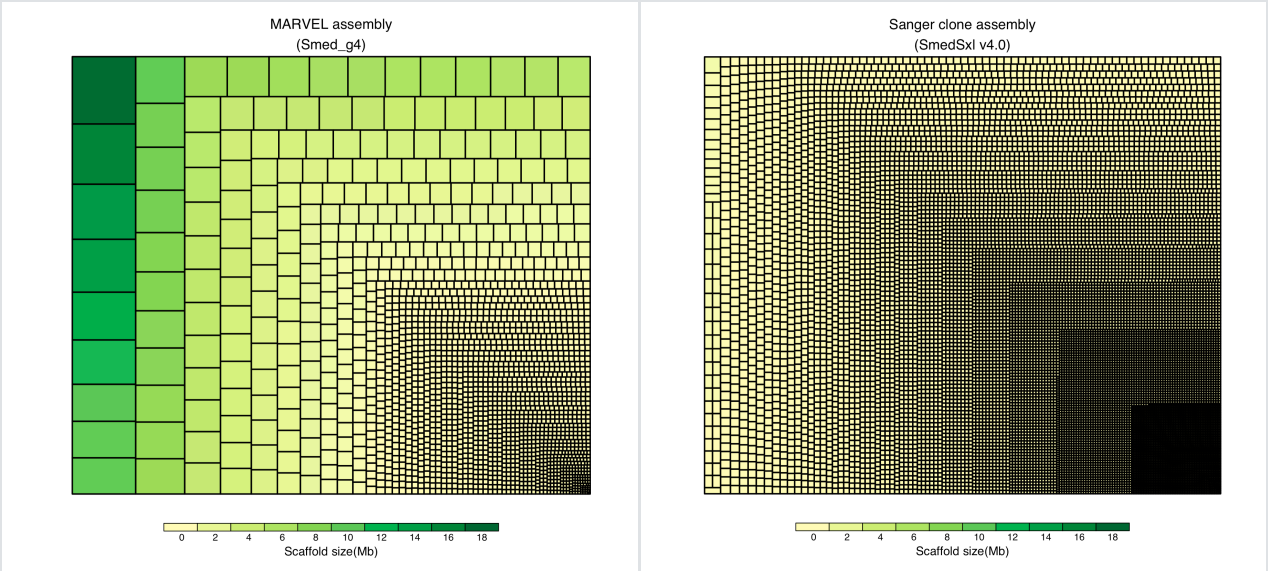
1. treemap函数本身没有去掉标签的功能，不过可以通过两个标签设置参数来曲线实现。

   `fontsize.labels=100,lowerbound.cex.labels=1`

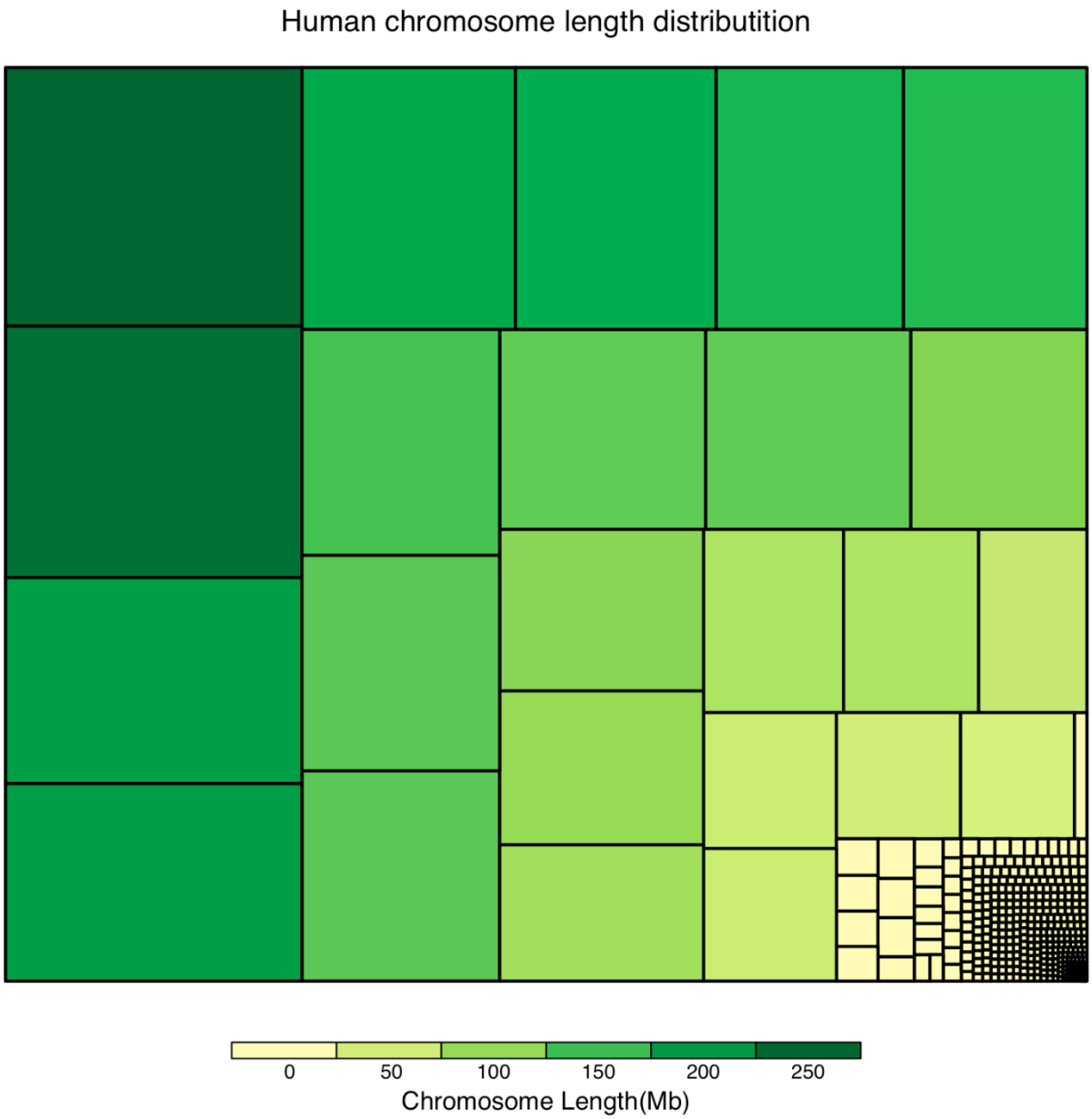
   fontsize.labels是设置标签大小，lowerbound.cex.labels=1表示只显示大小合适的标签，如果标签大小设置足够大，就不会显示标签了。

2. 颜色范围设置，通过`mapping`参数实现，最好设置成以0为界定正负对称的数字，这样展示值在0以上的颜色就不会出现两个色系，因为两个色系是以0为界的。

3. 通过`range`参数实现展示值范围，两幅图都设置成`c(0,18)`便于比较。`range = c(0,18)`和`mapping = c(-18,0,18)`必须一起设定。要不然两幅图的颜色展示就无法对比了。

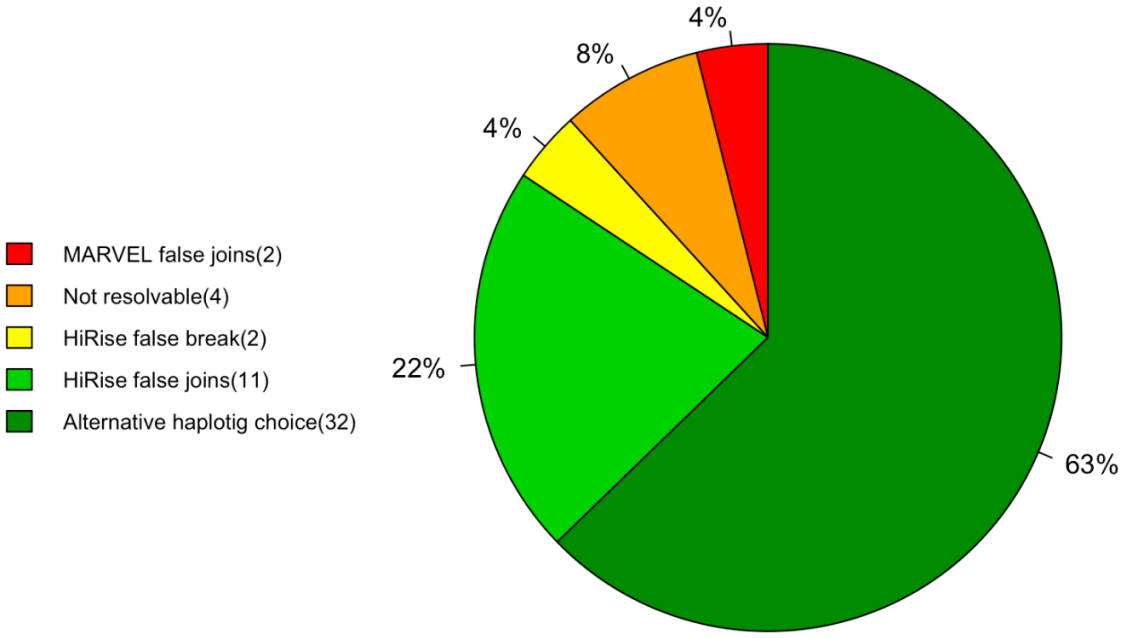


- 顺便也展示一下人的染色体大小。



- 另外也顺手把Figure 1b的饼图也复刻一下。

```
##Figure 1b
par(pin=c(4,3),mai=c(1,2.5,1,0.1))
qc <- c ('MARVEL false joins','Not resolvable','HiRise false break',
         'HiRise false joins','Alternative haplotig choice')
num <- c(2,4,2,11,32)
percent <- round(num/sum(num)*100, 0)
label <- paste0(percent, "%")
col <- c('red','orange','yellow','green3','green4')
pie(num, border="black", col=col,label=label,
    edges = 200, radius = 0.8,init.angle=90,lty=1)
legend("left", paste0(qc,'(',num,')'),
cex=0.8,fill=col,bty='n',xpd=TRUE,inset=-.5)
```



本文涉及到的数据，文章，脚本及图片均已上传到百度网盘，欢迎下载交流。

链接: https://pan.baidu.com/s/196XQccSJj2_xaTfbiwlHdg 密码: 1hcn