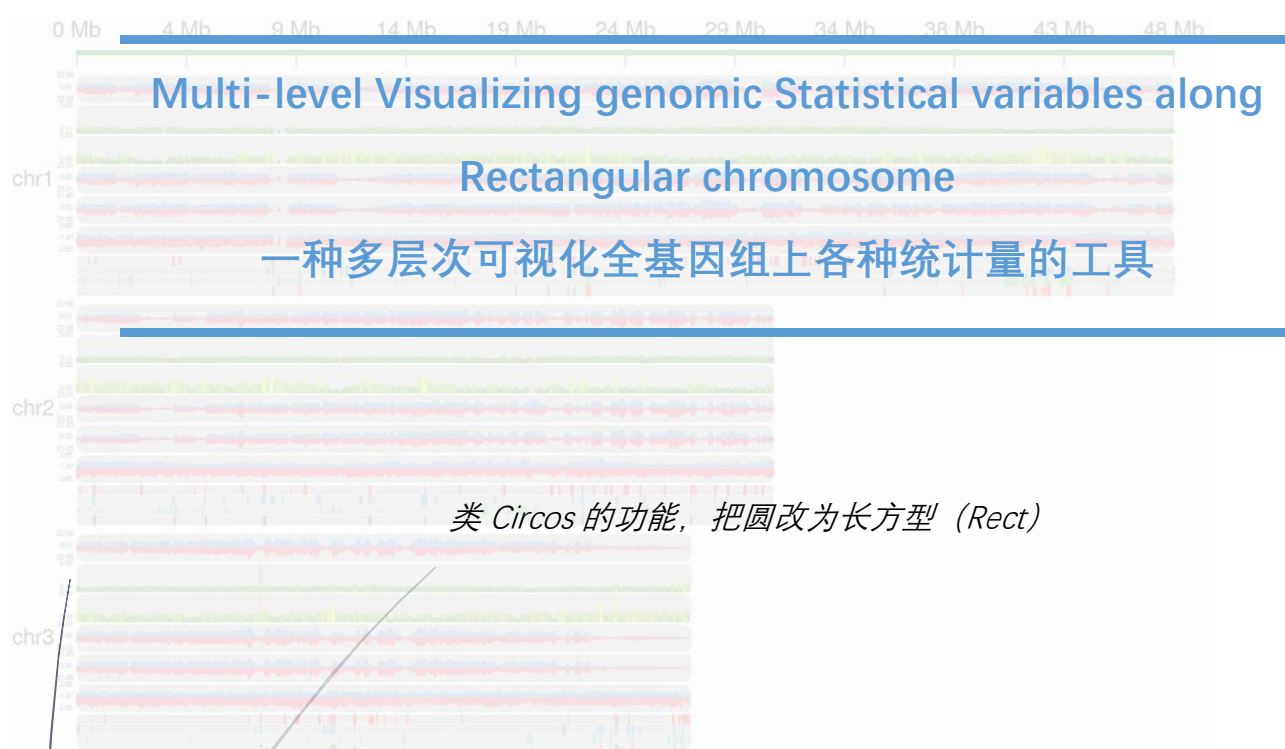


使用手册

RectChr



Version 1.24 使用说明文档

2021-03-20

hewm2008@gmail.com / hewm2008@qq.com

微信 打赏



QQ 入群: **125293663**



群名称: Reseqtools (tools)
群 号: 125293663

微信公众号



目录

RectChr.....	0
1.简介	1
2.应用场景示例	1
2.1 Scaf2chr 画图.....	2
2.2 遗传图谱画图	2
2.3 SNP/indel/gene/missing/GC 等密度图.....	3
2.4 BinMap+maker 画图	4
2.5 遗传统计量如 $P_i/F_{st}/t_{ajima}'D$ /杂合度等等群体相关变量图	5
2.6 多个群体同一统计量比.....	6
2.7 受选择 region 展示	7
2.8 多个基因组共线性.....	8
2.9 一个基因组 pairwise 关系	9
2.10 高级感的 GWAS 的 Manhattan 图.....	10
2.11 多样品多区域 binmap 的热度图.....	11
2.12 动态热度图和动态柱状图.....	12
2.13 之局部区域基因分布图	13
2.13 群体遗传统计和 LinkS 相互结合	13
3. 下载与安装	13
3.1 下载网址	13
3.2 预先安装	14
3.3 安装	14
4. 用法和参数说明	14
4.1 RectChr 参数.....	14
4.1.1 主要配置参数	15
4.1.2 其它配置参数	15
4.2 输入文件	18
4.2.1 数据文件(必须).....	19
4.2.2 配置颜色(可选).....	19
4.3 输出文件	20
5.实例	20
6.优势	21
7.常见问题	21
7.1 RectChr 和 Cmplot.....	21
7.2 取消位置坐标轴	21
7.3 line 线高于于背景线如何办? Or 其它 lines 太低.....	21
7.4 text 文本颜色 or hightline 等颜色自不想渐变? 如何设	22
7.5 对 line 和 hist 而言, 可以画坐标轴的标吗?	22
7.6 chr 背影条两端 有弧度 切换为 无弧度的方条? 如下图.....	23
7.6 联系与打赏.....	24

1.简介

RectChr 于基于 Chr 染色体水平上多层次的可视工具，对一些统计变量用 点，线，柱状和 heatmap、高亮，文本文字，彩虹链接，连接,自连接，动态 heatmap,动态 hist 以及 结合颜色【即线，散点，直方图，热图,文本, line, scatter/point, histogram , PairWiseLink, link, LinkS, heatmap(highlights), heatmapAnimated, histAnimated 和 text 】等 可视化各 chr 上各区域这个统计量，达到快速一眼看出规律，识别结果。 并且各种可以自己组合 自由修改相关参数，使用方法极像 circos 的一样。

简单点说 [circos](#) 可以画的, 这儿均可以画, 只是把圈圈图改为长方型的(可横放可纵排)。其中自己搭配层颜色等，同时也比 circos 多了一些默认配置，用起来十分简单，如 SNP GC 密度 直接输入文件即可。

程序是给一些有基础的生信朋友用的，若是小白看不懂就算了。

程序提供了 10 不同的应用场景实例之后，[知乎专栏](#)也收集了一些用户的配置和说明。

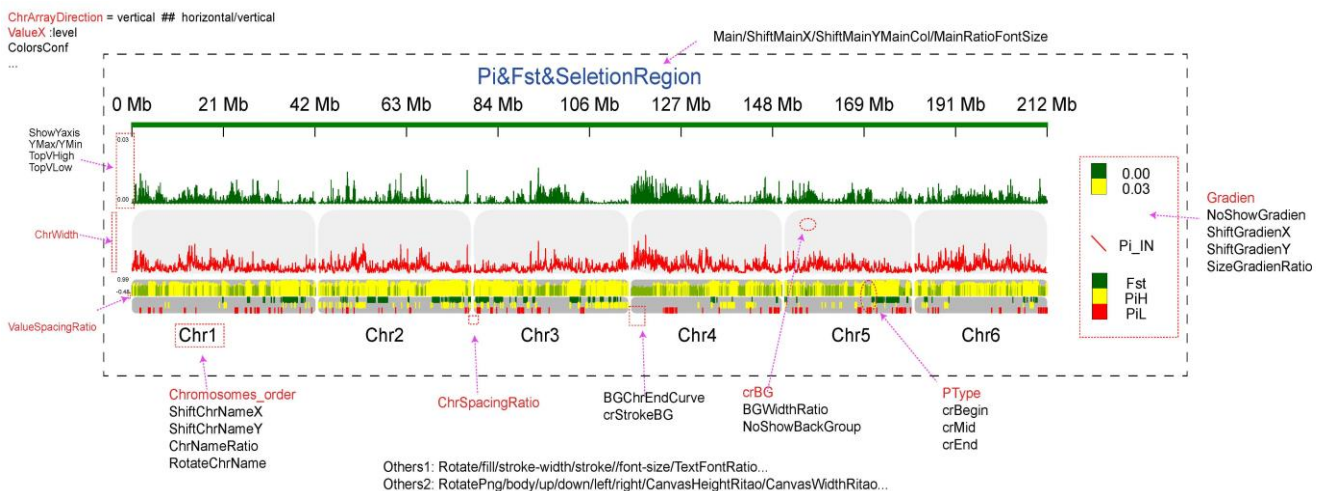
2.应用场景示例

程序可以由用户根据自己的想法应用在多个地方，应用多种不同场景。 如下是我近期应用到的场景，希望不是以为只可在这些场景应用，可以自己设计和思考

简单介绍其功能

- 1) chr 可以横放 or 纵放[ChrArrayDirection: horizontal/vertical]，间隙，高度和背景色等均可以自己定义
- 2) 各 chr 中可以定义多层 (ValueX : level)，各层可以用不同的画图展示方式。
- 3) 画图方式 共有 9 种[PType]，分别是线，点，柱状，链接，彩虹链接，热度高亮和文本文档，动态 heatmap,动态 hist [line,scatter/point,histogram, PairWiseLink, link,LinkS, heatmap(highlights)和 text, heatmapAnimated,histAnimated]
- 4) 颜色渐变和等分等均[Gradien]可以自己修改，数据可以限高低[YMax/TopVHigh/...]
- 5) 开放所有参数，可以自我修改细节等
- 6) ...

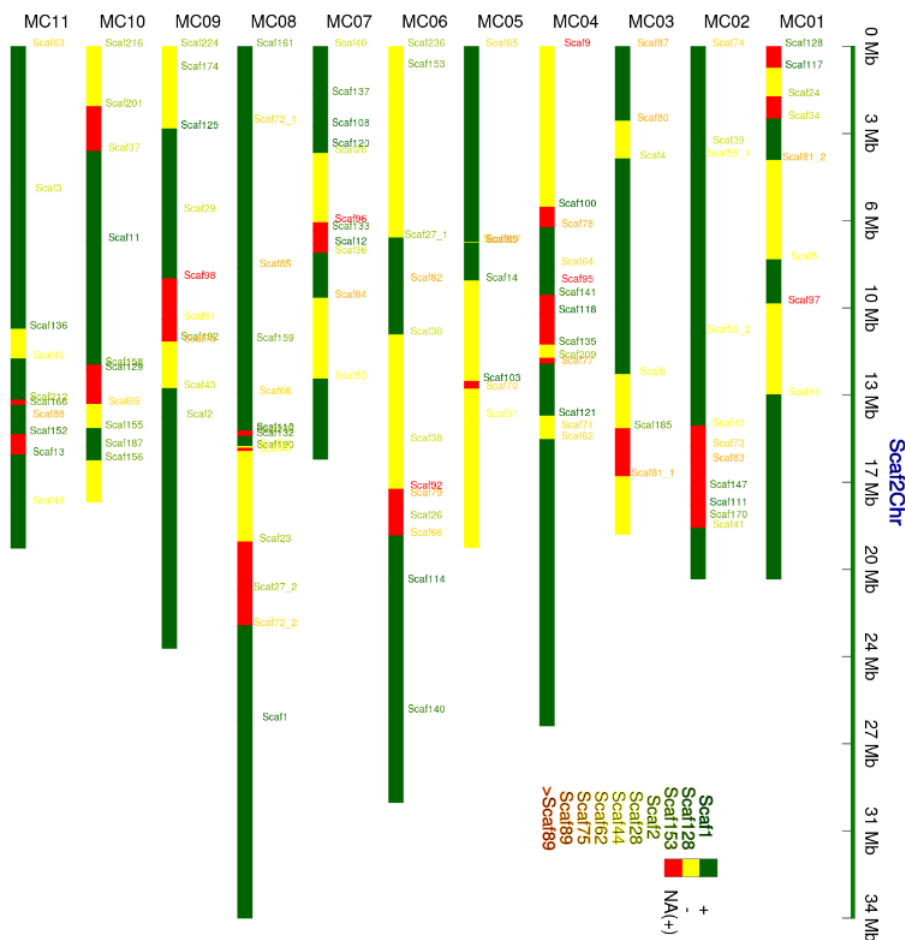
下面是一些控制参数示意图：



2.1 Scaf2chr 画图

输入格式: #CHR Start End ScaName 正/负

如下主要画两层 text 和 highlight (高亮) 两种配合。然后旋转一下(RotatePng)。

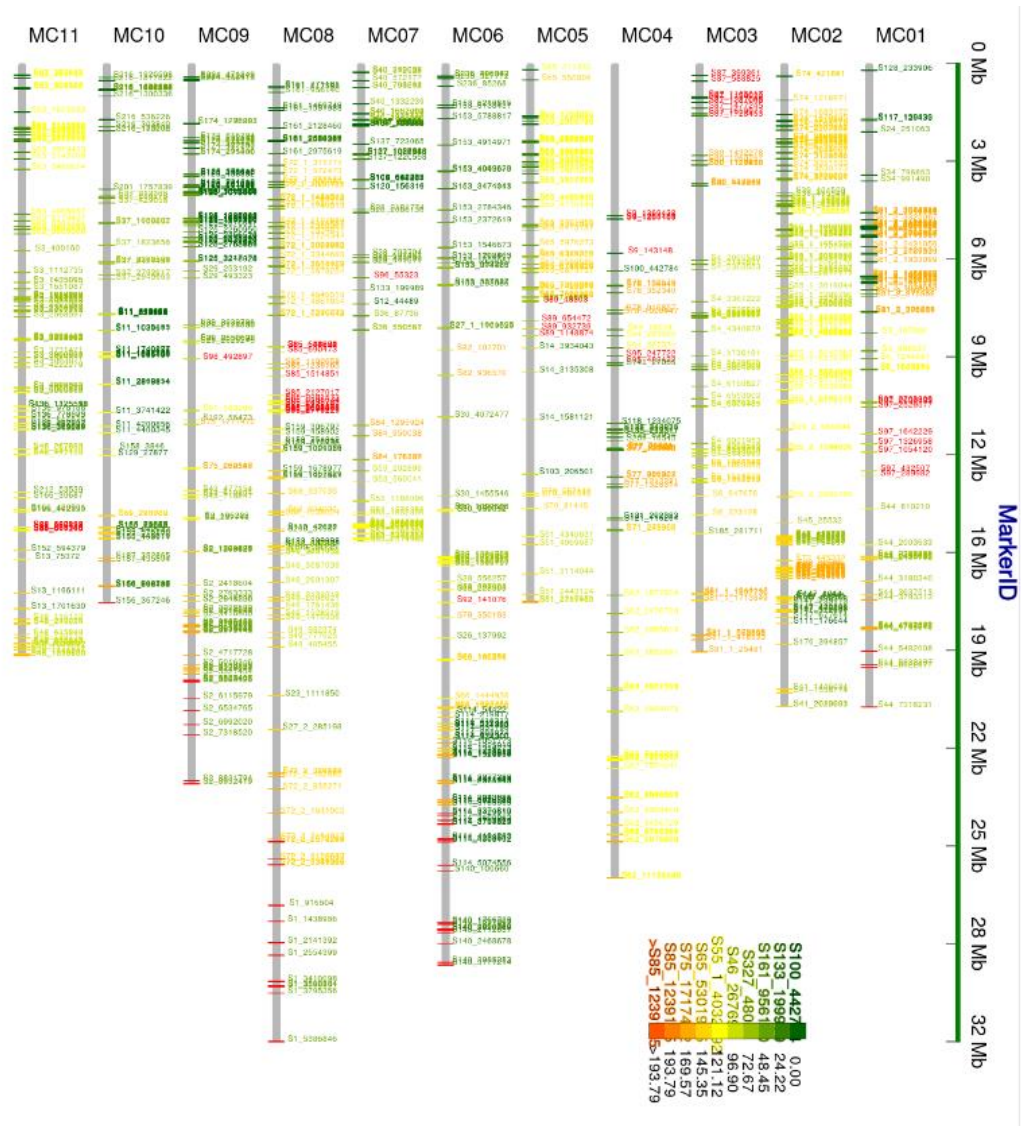


见 example1 里面的配置和用法 输入文件格式。Text 的颜色可以通过配置设为统一颜色

2.2 遗传图谱画图

输入格式: #CHR Start End ScaName 正/负

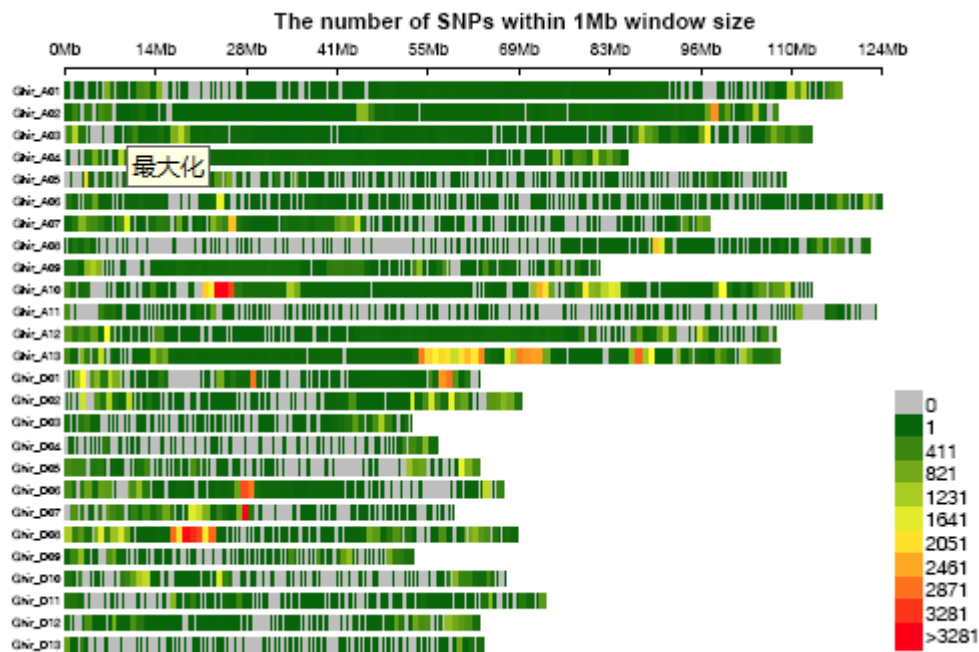
两层即 画 text 层和 高亮层两种配合。其中高亮层的背景条宽度(BGWidthRatio)缩小了点。



背影宽度 层次的配置 颜色若不要渐变 均可以配置 自己组合

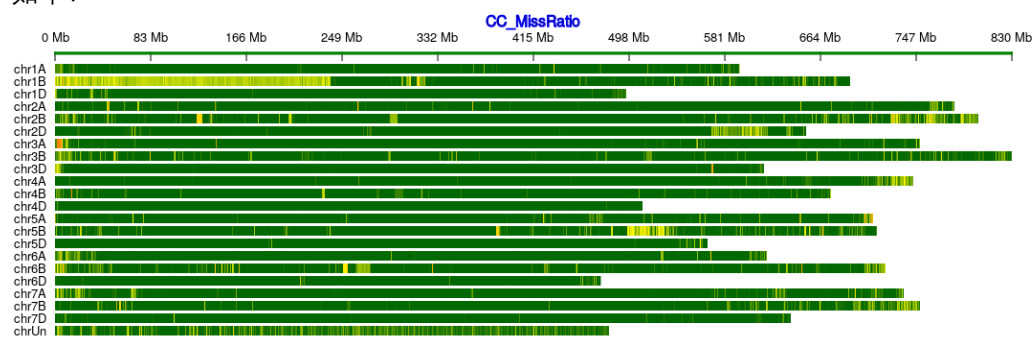
2.3 SNP/indel/gene/missing/GC 等密度图

输入格式: [#ChrStat End Flag] : Flag 为这个区域的统计量的值, 可以为整数可以为小数可以为字符串. 其中下面图的都是用 binbox 可以用颜色表示大小数. 用户可以结果数据用 point 高低 柱状图 和 lines 及结合颜色来画. **PType** heatmap



见 example 3

如下：

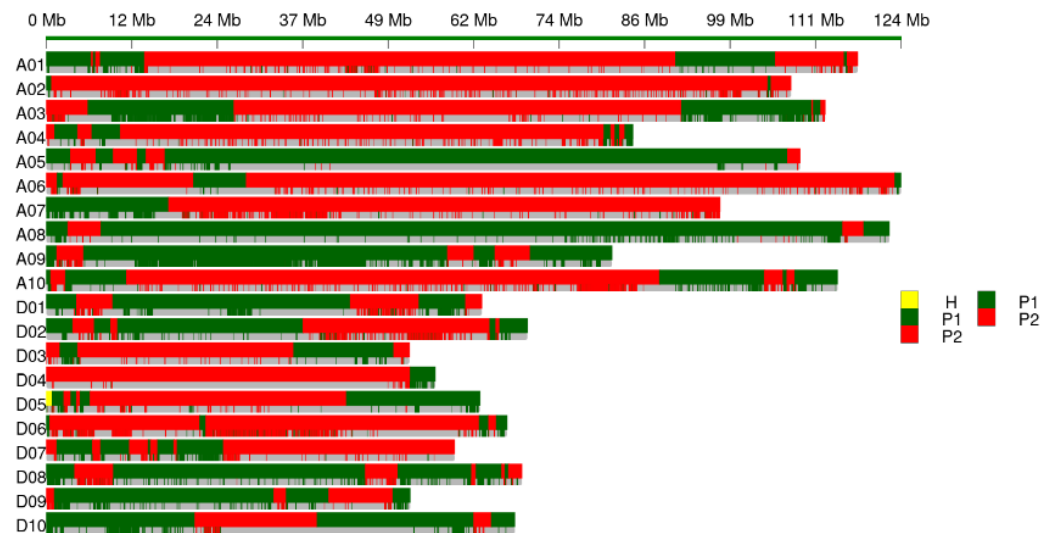


2.4 BinMap+maker 画图

输入文件 A 格式： [#Chr Stat End Flag] 其中 Flag 为： P1/P2/H

输入文件 A 格式： [#chr site Flag] 其中 Flag 为： P1/P2

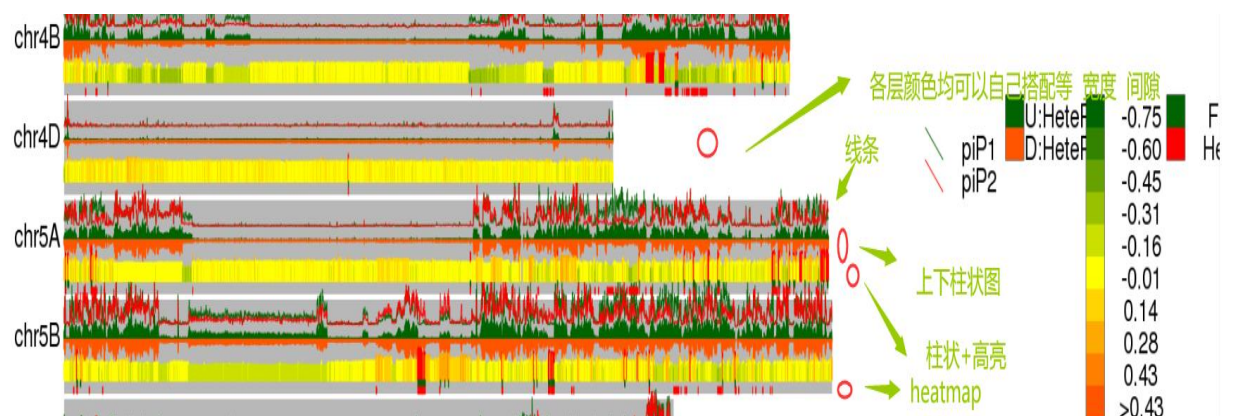
如下图

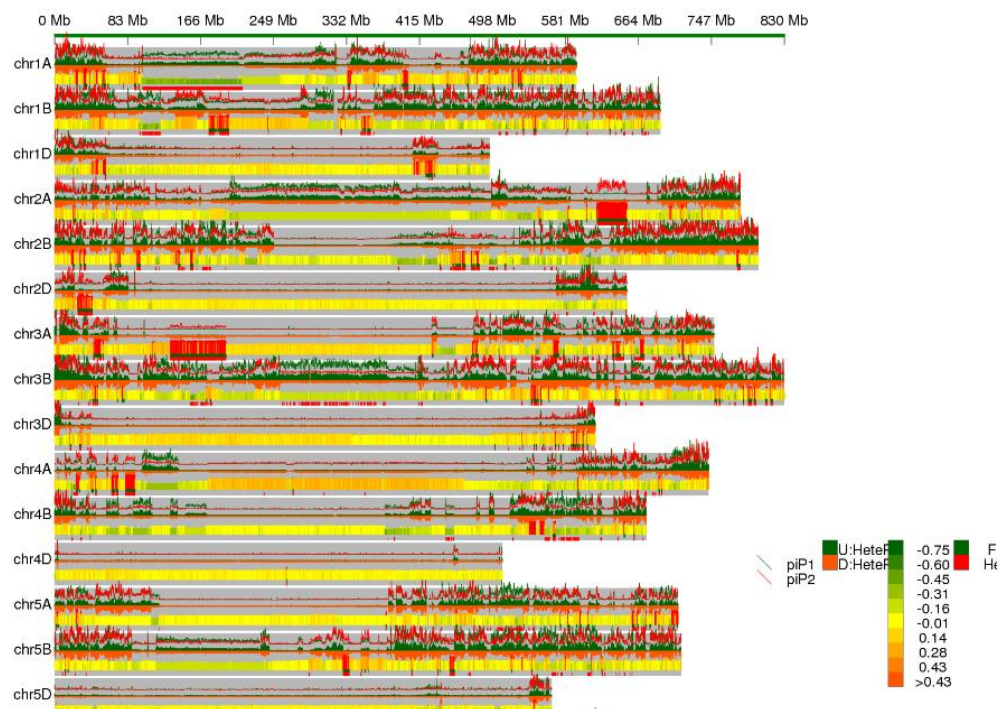


见 example4 里面的配置
主要是两层 heatmap

2.5 遗传统计量如 P_i /Fst/tajima'D/杂合度等等群体相关变量图

自由组合，如下 具体见 example5 用 line 表示线 柱+高亮表示 杂合
Fst 用 hist sele region 用热度图



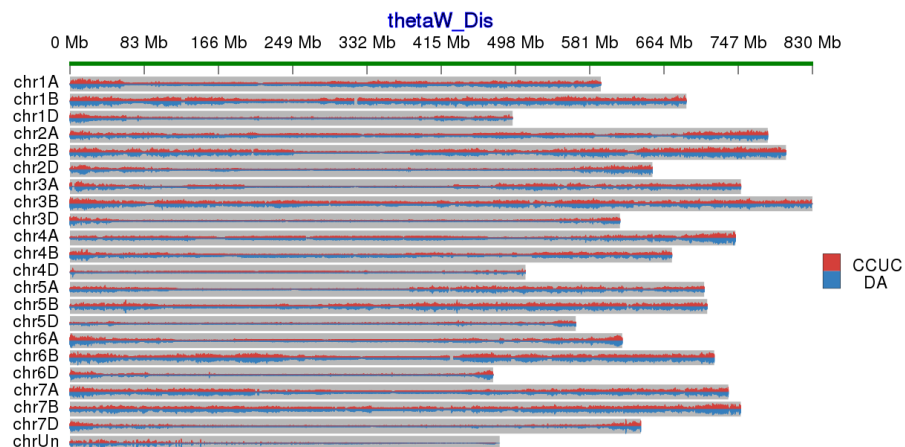


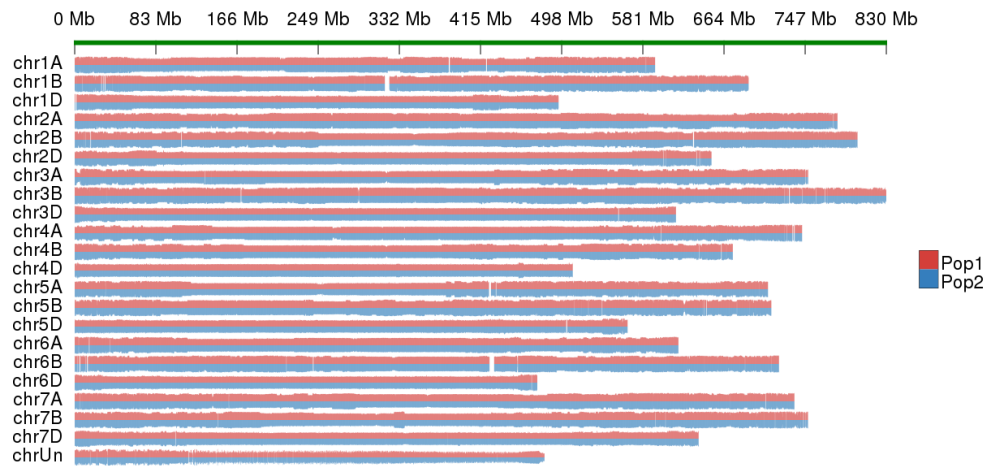
2.6 多个群体同一统计量比

上面都是同一个群体的，若多个群体也是可以的

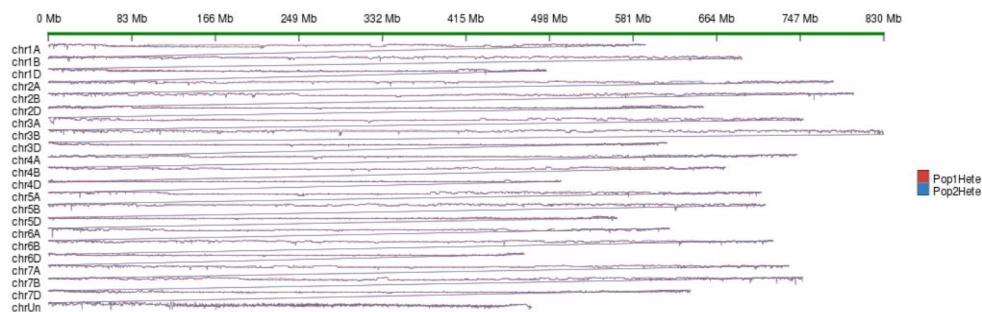
格式为：【chr Start End Flag1 Flag2 Flag3 …】 FlagN 表示第 N 个群体这个统计量的值没有的话用 NA 。

如下 是仅用两个群体的用 hist 柱状图表示画。：



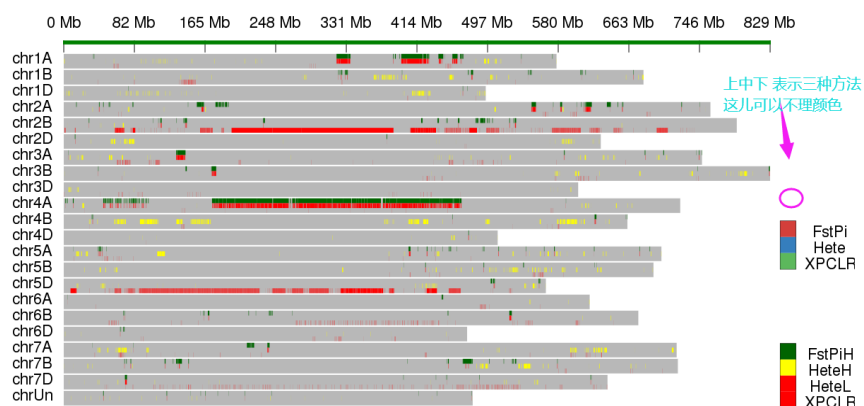


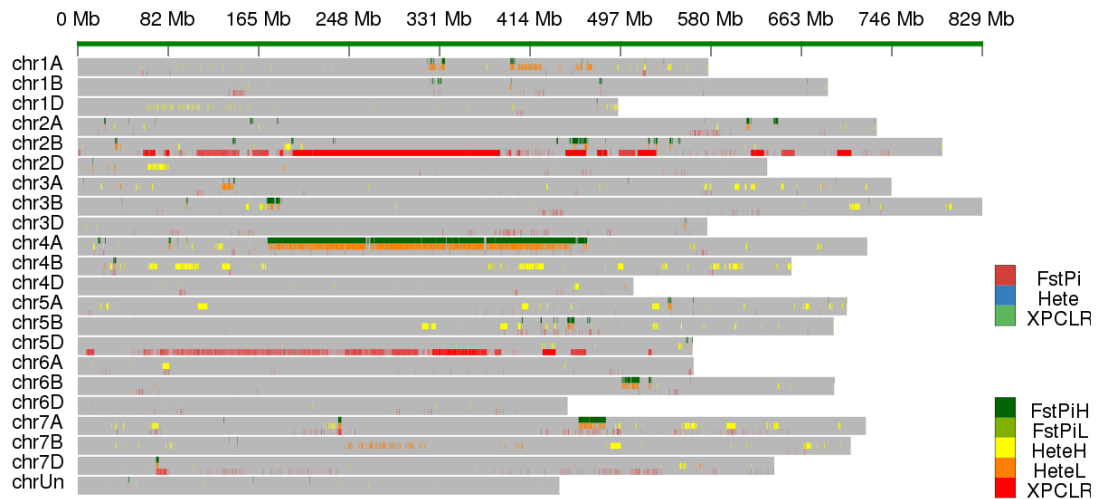
Lines 画



2.7 受选择 region 展示

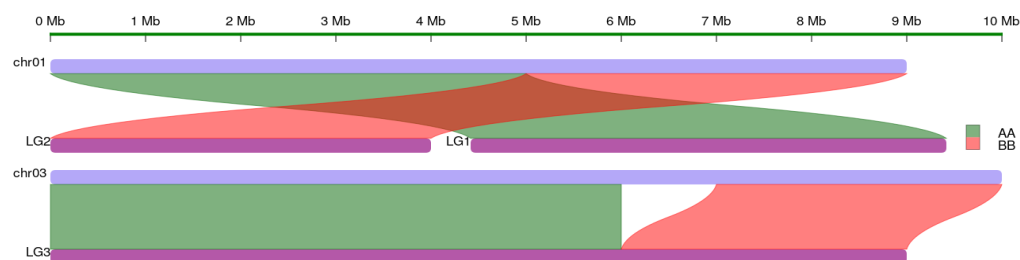
几种受选择分别找到受选择的方法，查看这些 region 的 overlap 情况。如下
 格式为：【chr Start End Flag1 Flag2 Flag3 ...】 FlagN 为方法 N 找到的区域 若不是
 用 NA 表示，其中 Flag 可以是字符串 or 数值。如下：
 如下用的是 boxbin，chr 分成了三份表示三种方法。用户可以用 lines point 画看等



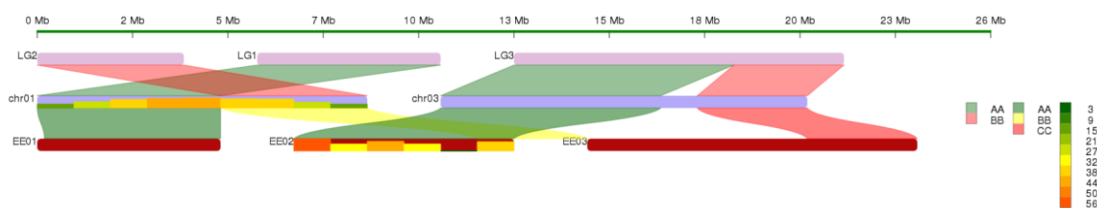


2.8 多个基因组共线性

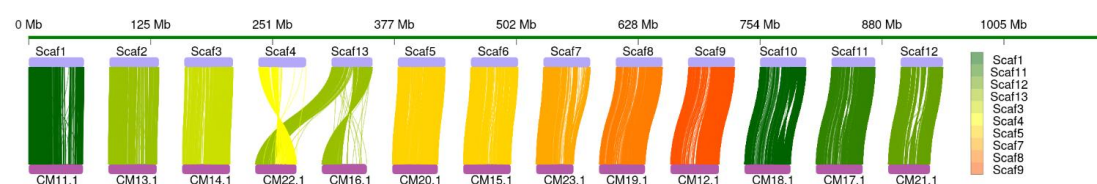
格式为：【chr Start End Flag1 chrB StartB EndB】，设置 link 时，不能和其它结合。可以三个基因组一起画，自动判断画在一起还是各 chr 分开 也可以选择是 chr 横向并行排列还是竖直排列，同时用了直线和均匀曲线(贝塞尔) (可以选和搭配)。 现效果如下：



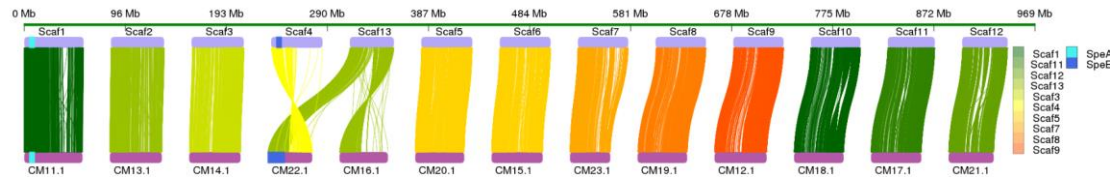
#lineType = curve ## line/curve 直线还是曲线,默认为 curve (见 example 6 :out2 和 out5)



真实数据画如下图 (配置见 example 6 :out3)：



其中共线性可以对各 chr 添加一层 其它信息的如 gene 密度 GC 等（用 point hist line 等）如下用了 heatmap 表示某几个 SpeA/B 的区域。见（配置见 example 6 :out4）：

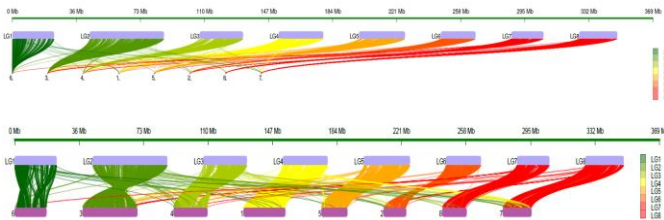


具体简单说明见这 [RectChr 之 两个基因组共线性分析](#) 和 [RectChr 之 多个基因组\(3 或更多\)共线性分析](#)

By the way 另外 genomeB 若是遗传距离：

chr4	21387378	21387478	chr4	LG1	0	0
chr4	21373688	21373788	chr4	LG1	5.126	5.126
chr4	21256608	21256708	chr4	LG1	10.608	10.608
chr4	21510295	21510395	chr4	LG1	12.558	12.558

可以试看在对应的层里面修改隐藏参数 ChrLenUnitRatio=100000（一个数，长度放大缩小比例，可以边试边画微调，如设成上面就成了图 2），一般 ChrLenUnitRatio 可以在这个值附近调 ChrLenUnitRatio = 总的物理距离(基因组大小)/总的遗传距离)



备注

后面升级后的 **LinkS** 可以认为是同一个基因组内部的 links,不可以做不同 chr 的 link 其中格式可以

ShowColumn=File1:7,8,9,10 # 分别对应 Value chrB StartB End

2.9 一个基因组 pairwise 关系

格式为：格式为：【chr Start End Flag】其中 当 PType = PairWiseLink

如下图见 example7 OUT1 ,可以看 sca 上比对的 paired 的距离。

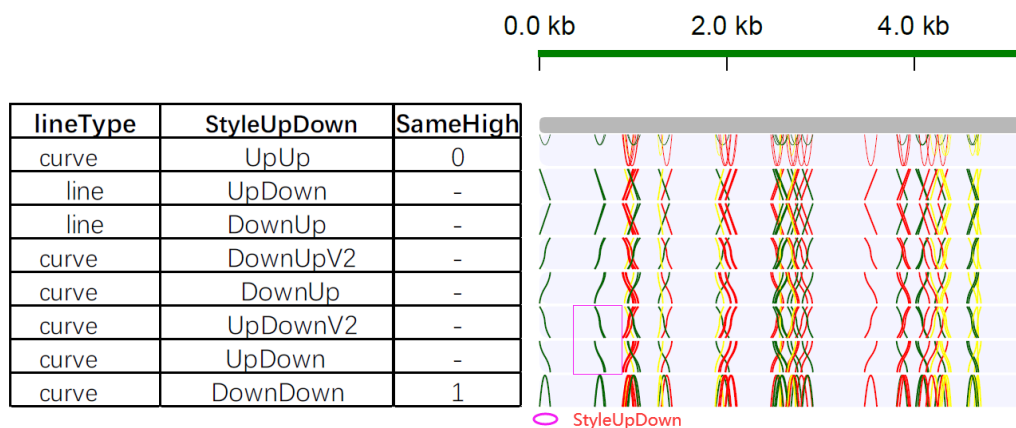
其中

##SameHigh=1 # 在 PairWiseLink 时, 这一参数设为 1 时 可以一样高

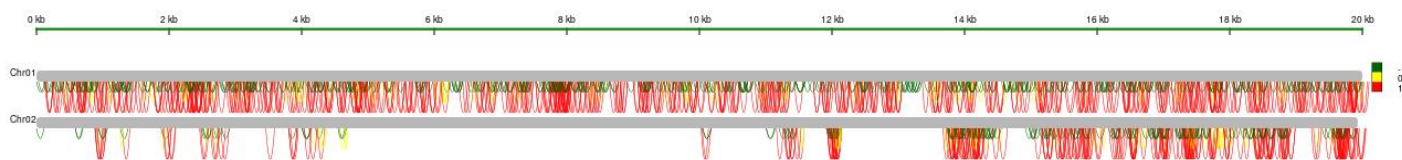
lineType = curve # 默认是曲线 还是 curve/line

##StyleUpDown =UpUp ## 在 PairWiseLink 时, 这一参数设为 DownDown 时, 弧度向下 默认为向上 UpUp 这一参数也可以设为 UpDown 和 DownUp 具体见 example 里面的配置 3 。另见[说这更多说明](#)

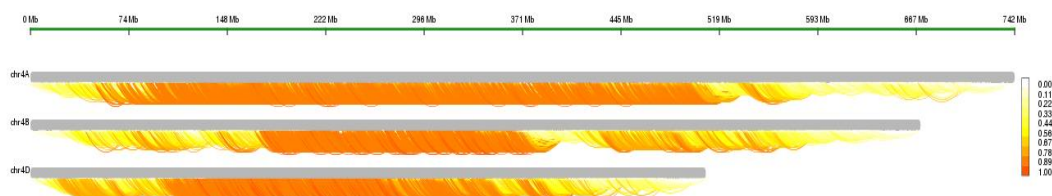
下面是同一数据不同参数的效果示意图：



PairWiseLink 下的参数差异



再如下图 R^2 图的每取 1M 取一个 snp 看附近 30M-40M 和他的关系 R^2 。如下图所示 见 example7 OUT2



如上主要是两层，第一层只画背影条，第二层则背影条为白色（即不画）用 PairWiseLink。第二层高低可以通过配置自定义。

2.10 高级感的 GWAS 的 Manhattan 图

如全局参数 **ChrArrayDirection = horizontal** 即把 chr 按横排列 (默认为 horizontal 竖排列)

两层上层为点图，层高度调高点；下层为 chr 啥都不画仅背影条。具体配置文件和例子见 example8

```
SetParaFor=Level11 ## 下面开始处理第 1 层 参数处理
```

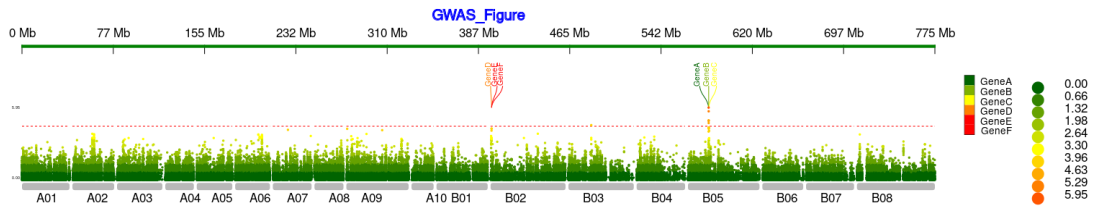
```

PType = point ## 散点
ShowColumn = File1:4 ## 把 File1 的第四列用散点图形式画出来)
ChrWidth=100 ##这一层宽度调高点
LogP=1 # 0-log() 对数值进行取 log
crBG="#FFFFFF" # 背景为白色, 实没有画
TopVHigh=1.1 # 只要大于 1 时就会取最高点
ShowYaxis=1 # 显示左边数值
ValueSpacingRatio=0.04 #和一层空一点
Cutline=5 ## 设置阈值线, 颜色默认为红 CorCutline=green

SetParaFor=Level2 # 这一层啥都不画 仅用背景条
ShowColumn = File1:4
ChrWidth=100
PType = EEE #啥都不画 空

```

现结果 text 和 pairwiselink 画出来的效果图如下:



(注, 若 *gwas* 位点多, *svg* 生成文件会较大, 转 *png* 时须要瞬间大内存, 再注: 一般而言, 由于连锁不平衡 (LD) 关系的原因, 相邻的 SNP 位点的往往是完全连锁的, 即对应的 **Pvalue** 是一致 (Y 坐标), 又由于是相邻距离小, 在画布即使是 5000 的情况下, 在 500M 的基因组, 画布 1 代表 100k, 距离在 1000bp 在画布上的仅为 0.01 的差别 (X 坐标)。所有关联点打印到画布上时, 均打印在画布上的同一个点。基于这个原理, **RectChr 1.24** 以上的版本其实只打印最后一个点, 即可以大大减小矢量图 *svg* 的文件大小, 从而达到无损压缩的目标。)

在 1.27 后的版本 提供了可以 **Cutline Cutline1 和 Cutline2** 共三条阈值线)

2.11 多样品多区域 binmap 的热度图

那么这个图很简单可以用 heatmap 多层画, 多少样品就多少层, 各层的间隙设为 0; 同时各 chr 横放

- 把一个样品的信息 画成一层, 即有多少样品就可以画成多少层 (ValueX = 79) 各层的间隙比较设为 0 (ValueSpacingRatio=0)
- 样品按不同亚群排, 其中不同亚群之间插入多几个随意的样品, 用于隔开。
- chr 的 横放 (ChrArrayDirection = horizontal), 间隙小点 (ChrSpacingRatio =0.1)
- 最后一列为颜色, 可以自定义颜色 or 默认就行

具体配置文件和例子见 example9

```

##### 全局参数 #####
SetParaFor = global
File1 = ./data/S01.bin
## 其中用 NA 表示不画, chr End End NA 不画但 End 可以用来记为 chr 的长度
ValueX = 79 ## 多少层, 类似 circos 多少个圈, 这不设默认是 N, 即根据 File1 的格式来的, 可以自己设
ChrSpacingRatio = 0.1 ## 不同染色体 chr 之间的间隔比例(ChrWidth*ChrSpacingRatio)
#Main = "main_Figure" ## the Figure Name #font-size strokewidth=1; fill="green"
ColorsConf = cor.info ## 通过在主配置文件 input 自定义颜色和 Value 的对应关系;( P1 = "#FE0808" )
ChrArrayDirection = horizontal ## horizontal/vertical chr 是按纵排列还是横排列.
CanvasHeightRatio = 0.7 # 画布最下面若有空白 截取上面的 0.7 1.17 版本以上才有的参数
##其它当很少用到的参数 BGChrEndCurve=1/等等
##### Figure #####

##### 默认各层的配置参数 若各层没有配置的会, 则会用这儿的参数 #####
SetParaFor = LevelALL ## 下面是处理初始化参数 SetParaFor 参数处理, 若为 LevelALL, 即先为所有层设置的默认值

```



```

PType = heatmap
ChrWidth=10 ## 79*10 大约画布深度在 790+
NoShowGradien=1 ## 不显示进度条
ShiftChrNameX=60
ShiftChrNameY=410
ChrNameRatio=2.0 # chrName 放大 2 倍
## chrName 移动 ChrNameRatio=1.0
#SizeGradienRatio=0

##### 各层的参数 #####

SetParaFor=Level1
File1=./data/S01.bin
ShowColumn = File1:4

NoShowGradien=0 # 只显示第一层的进度条 颜色
ShiftGradienY=-550
ShiftGradienX=20
SizeGradienRatio=2

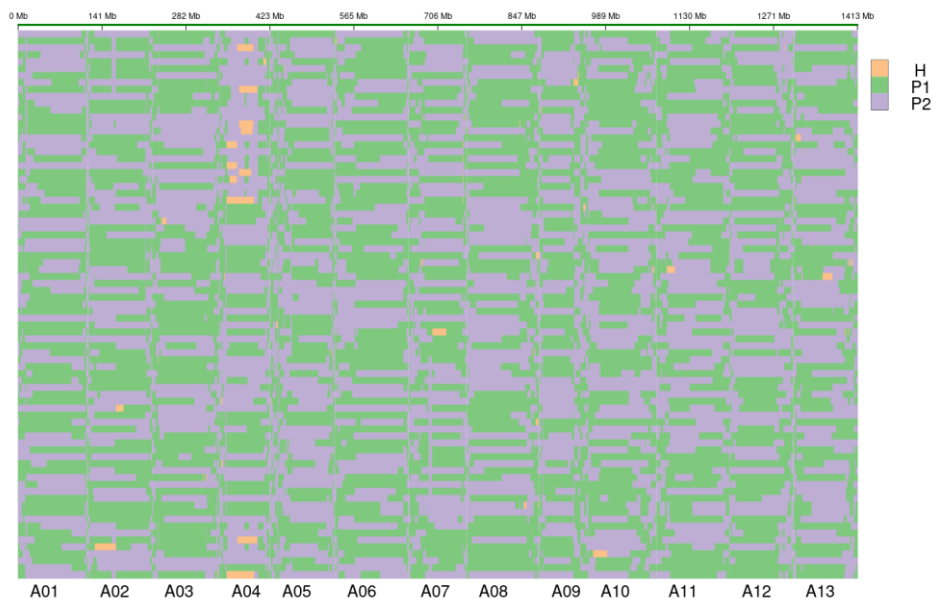
##### 其它层 统一配置 ###
SetParaFor=Level2
File2=./data/S02.bin
ShowColumn = File2:4
SetParaFor=Level3
File3=./data/S03.bin
ShowColumn = File3:4

SetParaFor=Level4
File4=./data/S04.bin
ShowColumn = File4:4

###在这省略 5 - 7 的层的设置

```

具体见 example9 的 里面提供一具体数据和脚本



2.12 动态热度图和动态柱状图

在版本 1.20 之后，添加了新的两种作图方展示：即动态热度图 和 动态柱状图 (heatmapAnimated, highlightsAnimated 和 histAnimated)

其中生成的 svg 在较新的浏览器打开即可以直接查看动态图，程序暂时不支持生成 gif 格式，用户可以用其它工具生成。如在线网站 (<https://xenos.reinom.com/svg-to-gif/>) svg 的宽和高可以查看输出提示 or 从 svg 文件前几行查到。Delay between frames (ms)

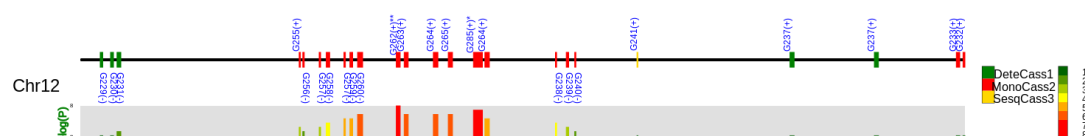
用 300 ,这个在线转 gif 可可能是图层叠达问题和截图图帧数问题, 转的 gif 和和比直接浏览器打开 svg 观察动态效果差

例子 10 数据和配置 见软件提从实例 10. 其简单说明可以找开下下面网址看一下:

RectChr 之 动态热度图和动态柱状图

2.13 之局部区域基因分布图

结果如下，更多信息击[这儿查看](#).



2.13 群体遗传统计和 LinkS 相结合



更多说明见这儿[知乎讲解](#)

3. 下载与安装

3.1 下载网址

暂时无对外公开，须要的话再联系 NA 。主要还是我自己在用
对外 基因库 试用 1 个月的版本，(20210120 后不能用)

若有需求再更新后再正式公布.

这主要是防止大家还在用 beta 版本，还在用可能存在 bug 的程序，强迫**大家定期更新**。

里面有 example1-10

持续更新在这: <https://github.com/BGI-shenzhen/RectChr> 下载时记得加个星星哦

3.2 预先安装

RectChr 适用于 Linux/Unix/macOS 系统。在安装之前, 请先安装以下使用条件:

- 1) Perl: Perl 内的模块 SVG.pm (<https://metacpan.org/release/SVG>)。可以预先安装。尽管我们安装包已经内置了 SVG.pm 包了
- 2) [convert](#): 系统命令, 可以将 svg 转 png。莫有也无关系, 有则更佳

3.3 安装

使用者可采用以下直接 chmod 755 运行:

1)

```
git clone https://github.com/BGI-shenzhen/RectChr
cd RectChr ; chmod 755 bin/*
./bin/RectChr -h # 直接运行
```

4. 用法和参数说明

4.1 RectChr 参数

程序 RectChr 很简单, 一个输入和一个输出. 具体如下。

```
[heweiming@cngb-ologin-25 bin]$ ./bin/RectChr
Version:1.22      hewm2008@gmail.com

Options

-InPut      <s> : InPut Configuration File
-OutPut     <s> : OutPut svg file result

-help              : Show more help with more parameter
```

- InPut 输入文件配置好的文件
-OutPut 输出文件, out.svg

-help 具体见配置参数

其中程序会对输入的配置文件进行简单的检测，若异常的配置如文件格式和行数 不符合时会报异常，麻烦检查.

4.1.1 主要配置参数

SetParaFor 是设置参数 可以是 global 全局变量 ALL 是所有层都起作用 LevelX 是对 X 层的参数
配置文件主要参数解释有如下几个

序号	示例	解析说明
参数 1	FileN = /path/in.data	(N=1,2,3...) 输入的是第 N 个文件的路径
参数 2	PType = heatmap	[关键词中的一种: heatmap/ highlights/link/ pairwiselink/ histogram/hist/ scatter/ point/ text/line/lines/heatmapAnimated 和 histAnimated, 即共有 9 种画法] 若不是关键词, 则不画, 仅背景条 heatmap/highlights 对区域用 binbox 型式结合颜色的不同显示统计量的差异 link : 对关联在一起的区域用颜色(贝塞尔曲线/直线)块结合颜色连接在一起, pairwiselink: 起终点 用 贝塞尔曲线 结合高低和颜色 展示统计量(又叫彩虹线) histogram/hist : 用柱状图高低结合颜色 展示 统计量 scatter/ point: 用散点的高低结合颜色 展示 统计量 text : 用文本形式 结合颜色 展示 统计量 lines:用线条及结合颜色 展示 统计量 heatmapAnimate : 动态热度图, SVG 文件中 heatmap 颜色随时间变化 histAnimated: 动态柱状图, SVG 文件中柱高和颜色随时间变化
参数 3	ShowColumn = File1:8 File2:5,6	某一文件的第 X 列作为统计量
参数 4	ChrSpacingRatio =0.2	不同染色体 chr 之间的间隔比例(ChrWidth*ChrSpacingRatio)
参数 5	ValueSpacingRatio=0	同一染色体中此层(ValueX)之间的间隔比例(ChrWidth*ValueSpacingRatio)

4.1.2 其它配置参数

SetParaFor = LevelX 为设置各层(X)的一个 Flag 参数 .global 是全局变量
ALL 是所有层都能管用, 各层没有配置的话, 则默认为全局(ALL)的参数。第 X 层, 相当 circos 的第 X 个圈
下面列出一个示例 大家可以看后面##的解析

```
1. SetParaFor = global
2.
3. File1 = ./in.data          ## 这个是必须输入参数, 并且尽量放在最前, 格式为
   [Chr Start End Value1 Value2 ...ValueN]
```

```

4.          ## 其中用 NA 表示不画, chr End End NA 不画但 End 可以用来记
   记为 chr 的长度
5. #ValueX =          ## 多少层, 类同 circos 多少个圈, 这不设默认是 N, 即根据
   File1 的格式来的, 可以自己设
6. #ChrSpacingRatio =0.2 ## 不同染色体 chr 之间的间隔比例
   (ChrWidth*ChrSpacingRatio)
7. #Main = "main_Figure" ## the Figtur Name : MainRatioFontSize MainCor
   ShiftMainX ShiftMainY
8. #ColorsConf = col.file ## 通过在主配置文件 input 自定义颜色和 Value 的对应关
   系;( P1 = "#FE0808" )
9. #ChrArrayDirection = vertical ## horizontal/vertical chr 是按纵排列还是横排
   列
10. ##其它当很少用到的参数 BGChrEndCurve=1/ 等等
11. ##### Figure #####
   #####
12.
13.
14.
15.
16.
17. ##### 画布 和 图片 参数配
   置 #####
18. #Chromosomes_order = ## chr 的顺序和只列某些 chr 出来画, 若没有配置, 程序会按
   chr 名自动排序 chr1,chr2,chr3
19. #body=1200 ## 默认是 1200, 主画布大小设置 另外:
   up/down/left/right) = (55,25,100,120); #CanvasHeightRitao=1.0
   CanvasWidthRitao=1.0
20. #RotatePng = 0 ## 对 Figure 进行旋转的角度
21. #RotateChrName = 0 ## 旋转 chr 名字 text
22. #ChrSpacingRatio=0.2 ## 不同染色体 chr 之间的间隔比例
   (Sum(ChrWidthX*X)*ChrSpacingRatio)
23.
24.
25.
26.
27.
28. ##### 默认各层的配置参数 若各层没有配置的会, 则会用这儿的参数 #####
29.
30. SetParaFor = LevelALL ## 下面是处理初始化参数 SetParaFor 参数处理, 若
   为 LevelALL, 即先为所有层设置的默认值
31. #File2 =          ## 可以输入别的文件
32. PType = heatmap ## 线, 散点, 直方图, 热图, 文
   本, line, scatter, histogram , heatmap(highlights)和 text 新的功能 links,
   PairWiseLink,heatmapAnimated/histAnimated

```



```

33. #ShowColumn =          ## 若 SetParaFor 为 LevelALL 时, N 层的 ShowColumn 默认为
    File1 的第 ValueN 所的 Column(N+3)
34.                    ## 参数格式可以设为 ShowColumn=File1:4 File2:4,5
35.                    ## File2:4,5 表示 File2 的第四和第五列用 heatmap 表示
36. #crBegin="#006400"     ## 此层(ValueX)最低值 Value 的配色
37. #crMid="#FFFF00"       ## 此层(ValueX)中间值 Value 的配色
38. #crEnd="#FF0000"       ## 此层(ValueX)最大值 Value 的配色
39. #crBG="#B8B8B8"        ## 此层(ValueX)背景色 的配色 若为白, 即不画
40. #TopVHigh=0.95         ## 此层 Top of ValueX 用最高点颜色[0.95], 其它再等分/1
41. #TopVLow=0             ## 此层 Top of ValueX 用最低点颜色[0], 其它再等分
42. ##YMax=                ## 设置此层(ValueX)的最大值, 默认自动
43. ##YMin=                ## 设置此层(ValueX)的最小值, 默认自动
44. #Gradien=10            ## 此层(ValueX)多少等分颜色
45. #ChrWidth=20           ## 此层(ValueX)在画布的宽度
46. #BGWidthRatio =1       ## 此层(ValueX)的背景(backgroup)的宽度默认和 ChrWidth
    一样(0-1])
47. #LogP=0               ## 此层(ValueX)不作 0-log10(Value) 处理
48. #ValueSpacingRatio=0   ## 同一染色体中此层(ValueX)之间的间隔比例
    (ChrWidth*ValueSpacingRatio)
49. #SizeGradienRatio=     ##设置渐变条的大小
50. #NoShowGradien=0       ## 若要不显示渐变条 可设为 1
51. #ShowYaxis=0           ## 是否显示所有层的 Y axis 的起终点值, 默认值此:0 不显示
52. ##### 更多配置的参数 可以自己设, 没有的话会自动设置 #####
53. ##Rotate/fill/Cutline/stroke-width/stroke//font-size/fontfamily/fill-
    opacity/strokeWidthBG/crStrokeBG/NoShowBackGroup #### 等等
54. ##ShiftGradienX=0 ## 渐变条左右移动 ##ShiftGradienY=0 ## 渐变条上下移动
55. ##ShiftChrNameX=0/ShiftChrNameY=0 ## chrName 移动 ChrNameRatio=1.0
56. #text-font-size TextFontRatio=1.0
57.
58. ##### 各层的参
    数 #####
59. ### 具体某层的具体配置 把 DealLevePara 设为具体正数(<=ValueX), 然后可以具体
    修改此层要改变的部分
60.
61.
62. SetParaFor=Level2      ## 下面开始处理第 2 层 参数处理
63. #File2 =              ## 可以输入别的文件 File2
64. PType = hist          ## 散点
65. #ShowColumn = File2:5  ## 把 File2 的第五列用散点图形式画出来)
66. ##LevelName = "Name"  ## the Level Name :NameRatioFontSize NameCor
    ShiftNameX ShiftNameY NameRotate
67.
68.
69. SetParaFor=Level3     ## 下面开始处理第 3 层 参数处理

```

```
70. PType = lines    ## 线条
71. ShowColumn = File1:5,6    ## 把 File2 的第五，第六列用线条图形式画出来)
```

其中也提供有了更多参数，只是大家不常用到，就隐藏起来，如 X 轴坐标系的上移下移
global : ShiftAxisY=0 等。若须要更多参数，可以反馈~ 程序设计时就考虑到随机加减参数。现列出几个重要的其它参数

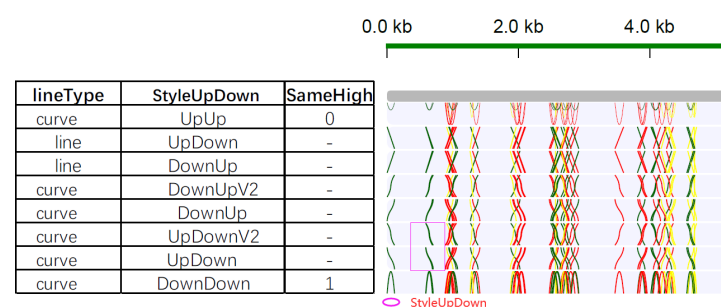
如对 Main 标题的一些控制参数隐藏起来：在 **global** 下：

移动位置 : ShiftMainX=0 /ShiftMainY=0; 字体颜色为：MainCol="blue" ; 字体大小：
 MainRatioFontSize=1.0

还有各层的标题 Name

#LevelName, NameRatioFontSize NameCol ShiftNameX ShiftNameY NameRotate

序号	示例	解析说明
global	ChrArrayDirection= vertical	horizontal/vertical chr 是按纵排列还是横排列
	TopVHigh=0.95	此层 Top of ValueX 用最高点颜色[0.95],其它再等分
	TopVLow=0	设置此层(ValueX)的最小值,默认自动



PairWiseLink 下的参数差异

4.2 输入文件

至少要输入一个数据文件。

4.2.1 数据文件(必须)

输入格式为文本格式, 同一个文件里 各行的列数须相当。确保相当确保前三列为固定格式。
在 PType 在非 link 的情况下, 文件格式如下:

【Chr 名 坐标 1 坐标 2 Flag1 Flag2 ... 】

为 PType=link 时格式为:

【chrA StartA EndA Flag chrB StartB EndB】

其中第一行若为 head 的话, 须以“#”开头

4.2.2 配置颜色(可选)

程序提供了可选的输入文件, **非必须的**, 即可以自己定义配置颜色的文件, 格式很简单, 颜色为 16 进制的 HTML 颜色

```
A="#F8F8F3"
B="#A3FF88"
C="#FFFFFF"
...
...
```

颜色和数值 对应关系

在这也顺列强调说明一下: 在没有自定义颜色时, Value 对应的颜色 是根据 1 **Value 的种数** 和 2 **等分颜色数** 及 3 **Value 的 Count 数目** 以及 4 **最大最小值**, 自动按一定的规则分配。 [更多详情点击这儿查看](#)

chr Start End Flag(Value)

若对应的 Flag 的数值 只出现 (如 1,2, 1e10...), 程序会自动把 Value 当成了数值 (as=numeric)来处理, 若出现其它字母之类的, 是当成字符串(as=factor)来处理。

为了方便大家理解, 默认的划分规则

举例, 打个比方

假设 9 等分颜色, 共有 100 个 Flag, Flag 的统计频率如下

01: 10
02: 20
03: 20
04: 20
05: 20
06: 10
80: 4
84: 2
99: 4

那么

均为**数值**, 会被视为 numeric 最大为 99 (也可由 YMax 传入), 最小为 01, 也可由 YMin 传入),

在 TopVHigh=1 时，
01-06 对应为 颜色 1 ; 80 和 84 对应颜色 8; 而 99 对应 颜色 9 。
当 TopVHigh=0.95 时，
84 和 99 共 6 方超过 5%，所以 84 和 99 对应最高的颜色 9， 01-05 对应为
颜色 1 ; 80 对应颜色 8 ;

均为字符串

若 Flag 出现非数值的字样，则视为**字符串**
其中若是数值，也可以通过隐藏参数 （asFlag= factor）把数值视为字符串。
在 TopVHigh=1 时，
共 9 个值同，9 等分颜色，所以 一值对应一颜色（按 ascii 码排），即 01 为颜色 1，
02 为颜色 2… 99 为颜色 9
当 TopVHigh=0.95 时，
（按 ascii 码排）最高的 84 和 99 共 6 方超过 5%，所以 84 和 99 共对应颜色 9， 其它 7
个值，共 8 颜色，颜色决比字符串的种类多，即按 7 个值 7 等分颜色，后一个字符对应一颜
色，最终为 共 8 种颜色。

4.3 输出文件

输出文件	说明
out.svg	输出的 SVG 格式图
out.png	输出的 png 格式图

示例图见上面应用场景给的图

5.实例

上面示例图都有实例，我这
具体数据格式和配置等见这：

```
./bin/RectChr -InPut in.cofi -OutPut out.svg
```

这儿共提示了 10 个实例，配置文件和输入文件格式等，运行就只须要几分钟。
具体见 软件里面的 **Example** 目录：exampl1-10
具体见程序目录里面的 Example/example* 的数据和配置
在这搜索了一些在网上的其它人的配置和示意,点击可以找开网页，查看

- [RectChr 总简介](#)
- [RectChr 之 两个群体比较 之 受择选信号+选择区域](#)
- [RectChr 之一个群体遗传多态](#)

[RectChr 之几种方法受选择区域](#)

[RectChr 之 两个群体比较 之 受选择信号+选择区域 横放 chr](#)

[RectChr 之 群体 sweep +QTLS+IBD 作图](#)

[RectChr 之 两个基因组共线性分析](#)

[RectChr 之 多个基因组\(3 或更多\)共线性分析](#)

[RectChr 之 多样品某一区域 genotype/gene/单倍型 热度图](#)

[RectChr 之 多样品多区域 binmap 热度图](#)

[RectChr 之 动态热度图和动态柱状图](#)

[RectChr 之 高级感的 GWAS 曼哈顿图](#)

更多实例 随时更新，见 website 网页，具体见这：

<https://github.com/BGI-shenzhen/RectChr> 里面的

6.优势

- 1 快速少内存 批量画图 瞬间出结果。
- 2 可以自定义各种参数，如 chr 层，可以自己颜色，定义高度，画图设计全开放与用户，可以应用在多种场景
- 3 应用场景广泛，应用场景多种多样，像 circos 一样，用户可以结合自己的数据画图。
- 4 免安装，使用方便

7.常见问题

7.1 RectChr 和 Cmplot

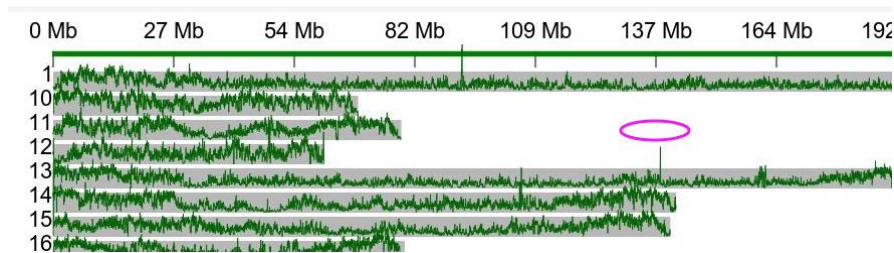
RectChr 和 circos 有点类似，各有优势。你们用之 circos 是圈 我这是长方型
Cmplot 不能点和线等自由组合。 其中 RectChr 提供了多了动态 heatmap 和动态 hist, 应用作图场景更广泛

7.2 取消位置坐标轴

取消坐标体系，在 global 下有一个等份坐标数的参数（默认 10） ， 这一个隐藏参数改为 负 1 即可【ScaleNum=-1】取消坐标轴。

7.3 line 线高于背景线如何办？ Or 其它 lines 太低

那个线图，高的值超出染色体背景了，这个有参数直接调吗？



答： 有， 参数-TopVHigh=0.95/1 修改为 1 即可
 ## 此层 Top of ValueX 用最高点颜色[0.95],其它再等分 默认为 0.95 ,。

再问： 但改为 1 后其它地方点得太低了？ 如何办？

答： 主要是数据问题， 如 95%的值都在 0-100 之间， 另外 5%的最高值为 1000. 此时的建议是对数据作一定的转化， 如高于 100 的强制为 100 or 取 log 之类的再设 TopVHigh=1.0

7.4 text 文本颜色 or hightline 等颜色自不想渐变？ 如何设



每一层 把三色(cr*) 按 等分数 (Gradien) 分的渐变， 故可以如下：

A. 方法

参数 crMid="#FFFF00" crEnd="#FF0000" crBegin="#B8B8B8" 三者改为同一颜色就行

B. 方法

Gradien 设为 1 修改 crBegin="#B8B8B8" 为你要的参数就行 两种同时结合

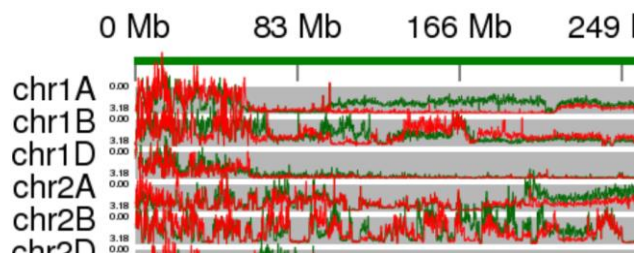
7.5 对 line 和 hist 而言， 可以画坐标轴的标吗？

如上图 line 的左边能加上数值吗？

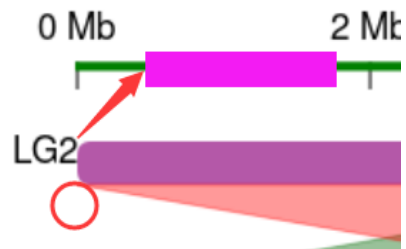
答： 已经添加参数

ShowYaxis=0 ## 是否显示所有层的 Y axis 的起终点值,默认值此:0 不显示

把对应的层 ShowYaxis=1 即可



7.6 chr 背影条两端 有弧度 切换为 无弧度的方条？如下图



回可以： 全局变量

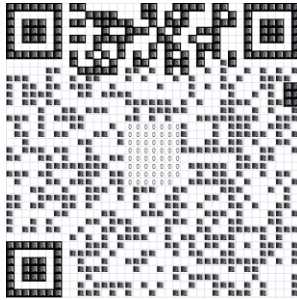
BGChrEndCurve = 0 #即可 默认为 1 即为 曲线

7.6 联系与打赏

随意 是缘是福，一切随风

- [✉ hewm2008@gmail.com](mailto:hewm2008@gmail.com) / hewm2008@qq.com
- join the **QQ Group : 125293663**

微信 打赏



QQ 入群: **125293663**



群名称: Reseqtools (itools)
群 号: 125293663

微信公众号

