

# 目录

## 1.简介

## 2.输入数据格式

### 2.1 chromosome 数据

#### 2.1.1 一般数据

#### 2.1.2 细胞带数据

### 2.2 track 数据

#### 2.2.1 bar

#### 2.2.2 line

#### 2.2.3 point

#### 2.2.4 ideogram

#### 2.2.5 rect-discrete

#### 2.2.6 rect-gradual

#### 2.2.7 heatmap-discrete

#### 2.2.8 heatmap-gradual

#### 2.2.9 stack-point

#### 2.2.10 stack-line

### 2.3 label 数据

### 2.4 links 数据

## 3.使用帮助

### 3.1 在线使用shinyCircos-V2.0

### 3.2 shinyCircos-V2.0的界面

### 3.3 在个人电脑上安装使用shinyCircos-V2.0

#### 步骤1：安装R和RStudio

#### 步骤2：安装R/Shiny包和shinyCircos-V2.0需要的其他R包

#### 步骤3：运行shinyCircos-V2.0应用程序

### 3.4 利用shinyCircos-V2.0绘制Circos图

#### 3.4.1 创建Circos图的基本步骤

##### 步骤1：准备并上传定义基因组长度的"Chromosome data"

##### 步骤2：上传环形排布的"Track data"

##### 步骤3：为每个输入数据集设置"Track"位置和绘图类型

##### 步骤4：点击"Submit!"按钮绘制图形

#### 3.4.2 替换用于绘制"Track"的输入数据集

#### 3.4.3 以PDF或SVG格式下载创建的单个基因组图形

#### 3.4.4 利用shinyCircos-V2.0绘制Circos图的完整步骤

#### 3.4.5 修饰Circos图的绘图选项

##### 3.4.5.1 Track高度

##### 3.4.5.2 y坐标轴

##### 3.4.5.3 设置不同"Track"之间的间隔

##### 3.4.5.4 添加"Cell"的边框

##### 3.4.5.5 修改"Track"的背景颜色

### 3.4.5.6 设置不同"Sector"之间的间距

## 3.5 修改Circos图的其他部分

### 3.5.1 添加图例

### 3.5.2 高亮特定基因组区域

### 3.5.3 调整图像大小

### 3.5.4 添加"Track index"

## 1.简介

shinyCircos-V2.0是一个可交互式创建Circos图的R/shiny应用程序。

**源代码：**<https://github.com/YaoLab-Bioinfo/shinyCircos-V2.0>

**在线使用：**<https://venyao.xyz/shinyCircos2.0/>

**联系方式：**[gentelmanwang@gmail.com](mailto:gentelmanwang@gmail.com) or [yaowen@henau.edu.cn](mailto:yaowen@henau.edu.cn)

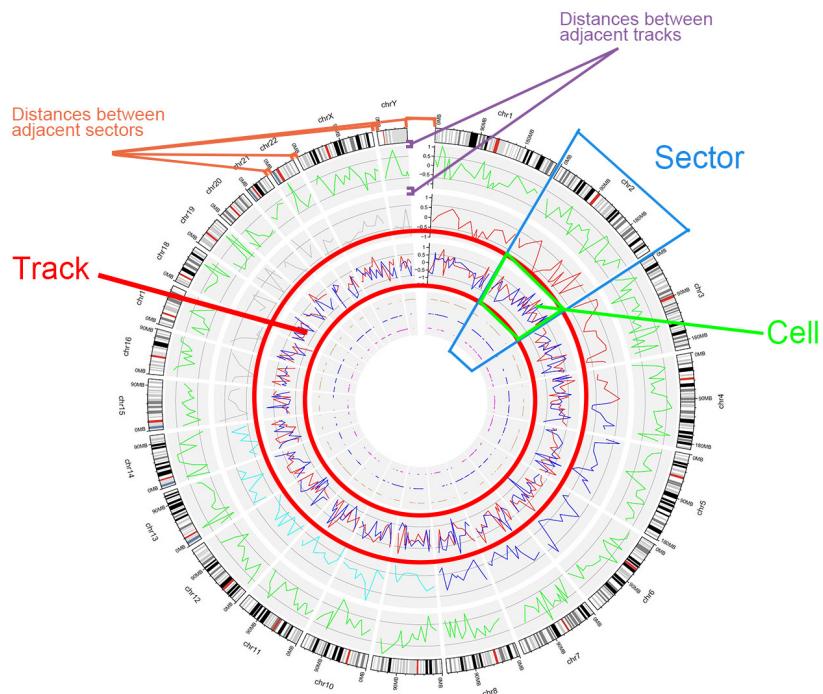
shinyCircos-V2.0是shinyCircos的最新版本。在这个版本我们进行了大胆的改进，通过整理用户的反馈，我们修复了旧版的BUG，添加了一些实用的功能，使用了全新的逻辑。现在的shinyCircos-V2.0将会是最好用的绘制Circos图的工具之一。

The structure of a Circos diagram

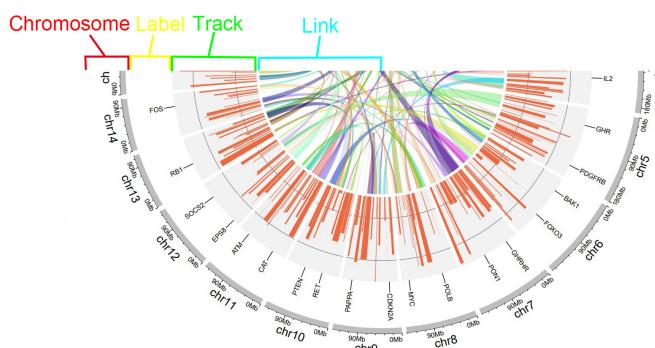
Circos diagram track type

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

在使用shinyCircos-V2.0前，我们需要了解Circos的结构，请您仔细阅读并记住图像的各部分的名字，这样有助于您继续阅读并理解该帮助手册



Circos图的结构



Circos图的Track类型

## 2. 输入数据格式

如果您是第一次接触shinyCircos-V2.0，那么我建议您仔细阅读输入数据格式说明，否则可能会出现未知的错误。

我们建议您上传".csv"格式的文件到shinyCircos-V2.0中，因为相对于其他的文本文件，".csv"文件具有比较明确的标准，不容易在读取时产生问题。值得一提的是，**列名对于shinyCircos-V2.0来说是十分重要的**，接下来我将会详细的展示不同输入数据的不同格式。

### 2.1 chromosome 数据

Chromosome 数据时绘图时必不可少的一部分，它决定了不同的sector没有它shinyCircos-V2.0将无法绘制出图形。 Chromosome 数据一共有两种格式，分别是一般数据和细胞带数据，它们的格式并不相同。

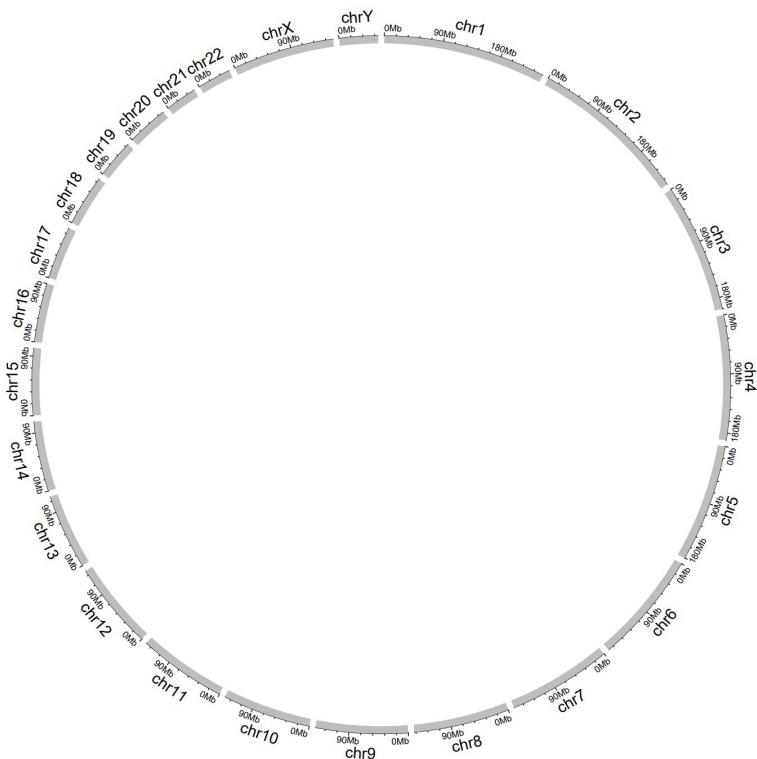
### 2.1.1 general data

普通数据包含三列，分别是chr、start、end。如下图所示：

chr	start	end
chr1	1	249250621
chr2	1	243199373
chr3	1	198022430
chr4	1	191154276
chr5	1	180915260
chr6	1	171115067

## 普通染色体数据 [↓](#)

普通数据绘图时为了美观软件会默认添加一条灰色的track：



输入数据为普通数据时的灰色track

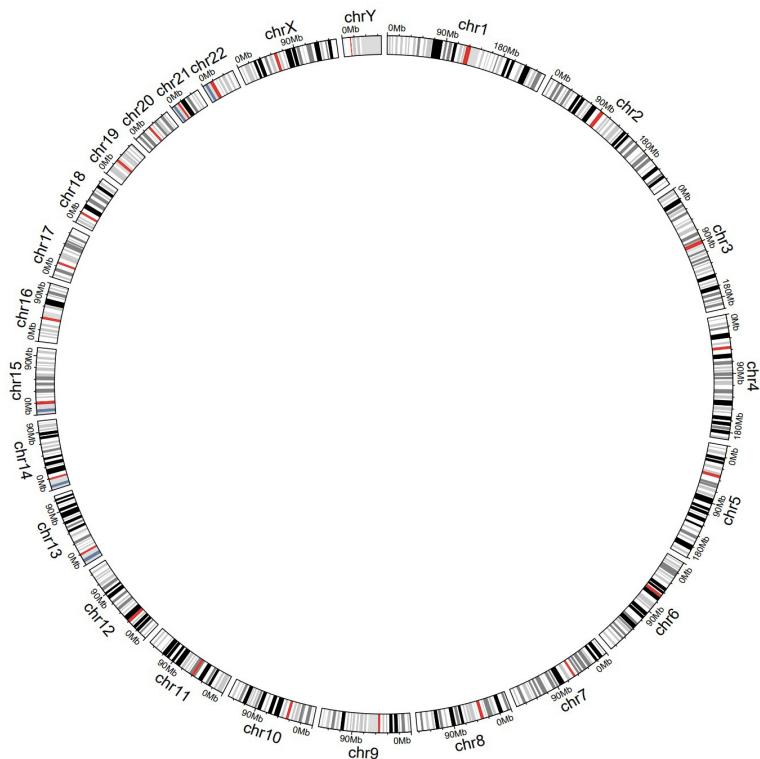
## 2.1.2 cytoband data

细胞带数据包含五列,分别是chr、start、end、value1、value2, 如下图所示:

chr	start	end	value1	value2
chr1	1	2300000	p36.33	gneg
chr1	2300000	5400000	p36.32	gpos25
chr1	5400000	7200000	p36.31	gneg
chr1	7200000	9200000	p36.23	gpos25
chr1	9200000	12700000	p36.22	gneg
chr1	12700000	16200000	p36.21	gpos50

细胞带数据 ↴

细胞带数据绘图时将会添加一个Ideogram track



输入数据为细胞带数据时的Ideogram track

## 2.2 track 数据

Track数据用来在Circos图中绘制不同的Track, 不同类型的Track往往具有不同的输入格式, 但是数据的前三列是固定的, 分别是chr、strat、end。接下来将会展示不同类型的Track数据。

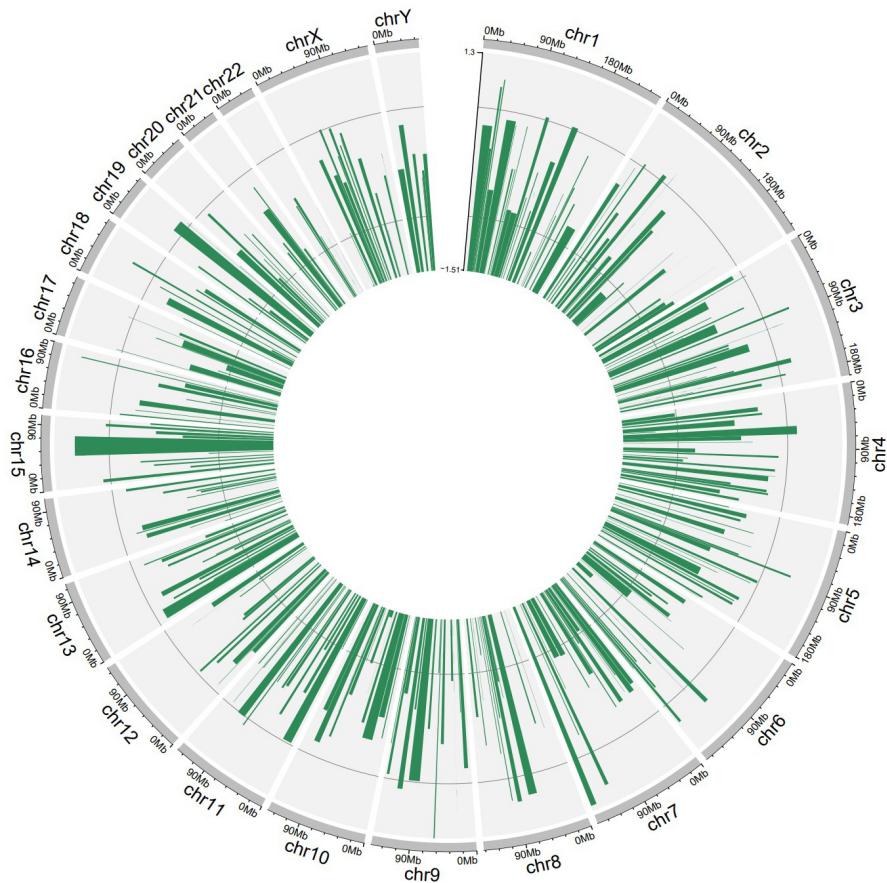
### 2.2.1 bar

用来绘制柱形图的数据应该至少有四列，分别是chr、start、end和value，值得注意的是第四列的值可以是正数也可以是负数，柱形图有两种绘图类型，分别是Unidirectional和Bidirectional，同时还支持输入数据中再添加一列颜色分类值，具体的区别见下方讲解。

Unidirectional数据可以用来绘制单向的柱形图，柱子的最小值就是value的最小值，可以为负数，即纵坐标的起始位点可以是任何值，如下图所示：

chr	start	end	value
chr1	10382554	26901963	0.374
chr1	26901963	30511288	0.084
chr1	30956226	33621691	0.89
chr1	35113388	36674459	0.988
chr1	36674459	47502070	-0.441
chr1	48540858	64361678	0.484

## 单向柱形图数据 ↴

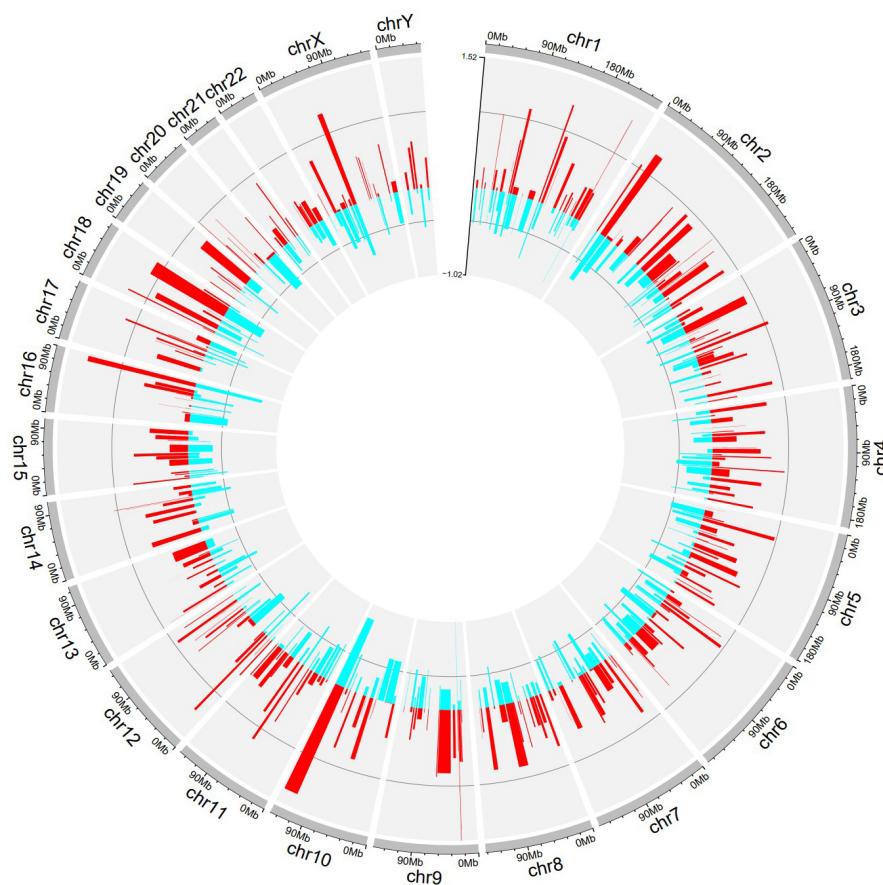


单向柱形图

Bidirectional数据用来绘制双向的柱状图，一般来说，同一个区间往往有两个value，柱子默认从0开始绘制，如下图所示：

chr	start	end	value
chr1	5622039	9110831	0.095
chr1	5622039	9110831	-0.405
chr1	16816819	18551718	0.247
chr1	16816819	18551718	-0.253
chr1	22908603	24839868	0.077
chr1	22908603	24839868	-0.423

## 双向柱形图数据 ↴

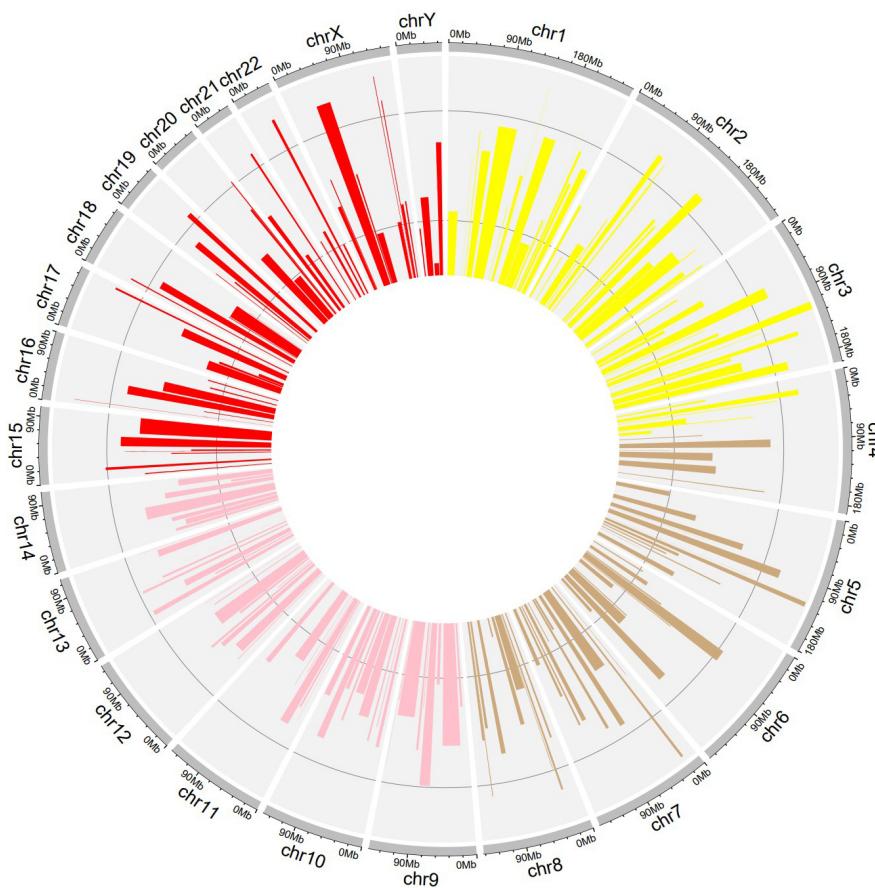


## 双向柱形图

颜色列代表着颜色的分组，比如a、b、c、d

chr	start	end	value	color
chr1	2321390	22775301	-0.52536	a
chr1	43812694	44287183	0.101162	a
chr1	52481565	53897427	0.372158	a
chr1	59354150	74860235	0.160938	a
chr1	81748375	1.12E+08	0.449661	a
chr1	1.27E+08	1.28E+08	-0.38463	a

带有颜色列的柱形图数据 [↓](#)



由颜色列调控颜色的柱形图

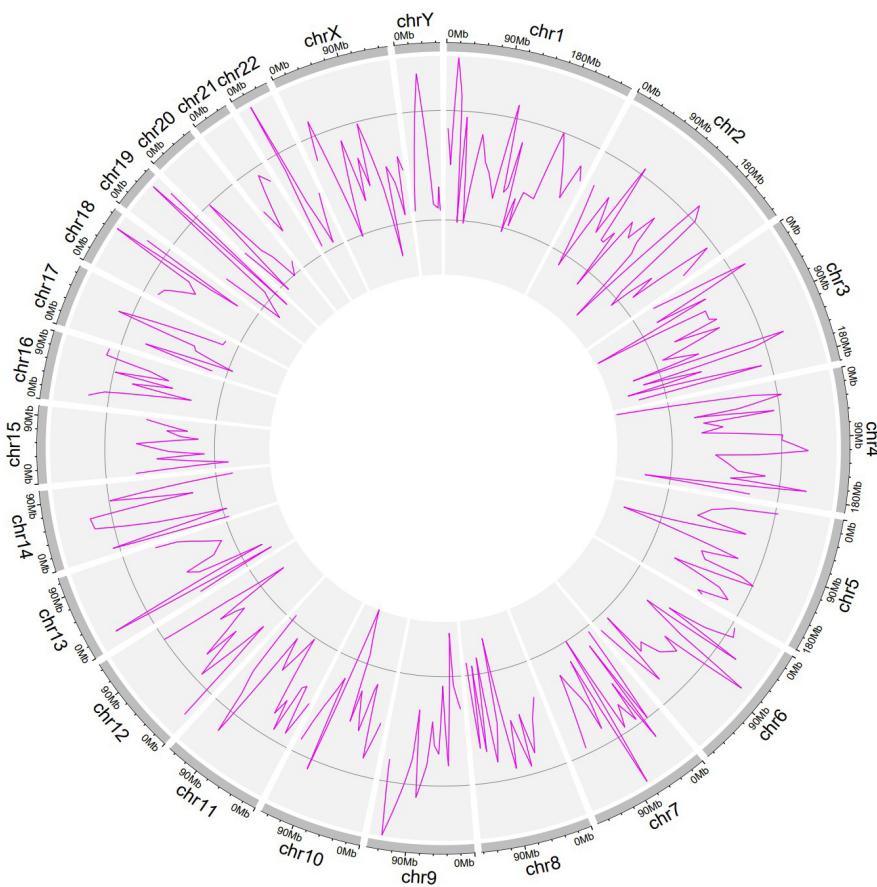
## 2.2.2 line

绘制折线图的数据应该至少包含四列，除此之外还可以添加其他的列来丰富折线图的绘制。

标准的折线图数据应该包含四列，分别是chr、start、end和value1，如下图所示：

chr	start	end	value1
chr1	788538	5571920	0.309
chr1	6704086	10962288	-0.075
chr1	13517030	19064946	1.068
chr1	21370275	25642500	0.659
chr1	26160174	27950076	-0.688
chr1	29974329	36789688	0.44

## 标准折线图数据 ↴

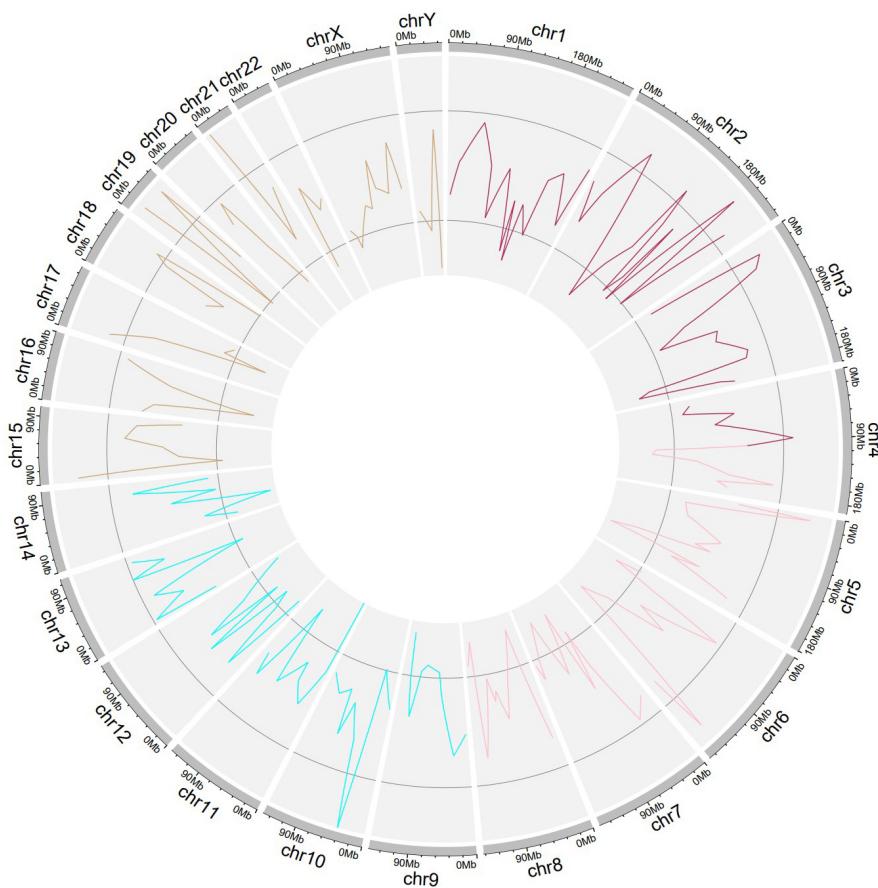


## 标准折线图

除了标准的四列数据外，还可以添加颜色列或是再添加一列value来在同一条track上绘制多条线。

chr	start	end	value	color
chr1	2306857	8605927	-0.207	a
chr1	20851761	21889246	0.121	a
chr1	23158305	28865964	0.163	a
chr1	37301567	80712334	0.53	a
chr1	80874413	81302045	0.115	a
chr1	85048095	85782964	-0.406	a

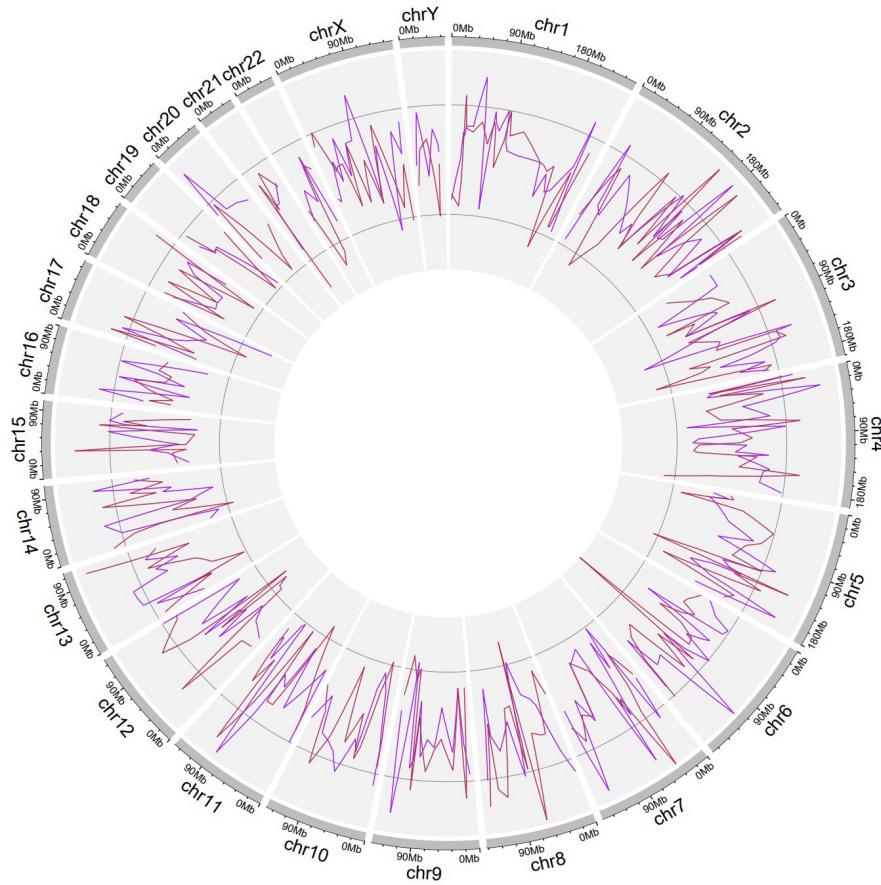
带有颜色列的折线图数据 [↓](#)



由颜色列调控颜色的折线图

chr	start	end	value1	value2
chr1	294540	4666160	-0.66	-0.596
chr1	17589118	18065224	-0.138	-0.747
chr1	21280287	21380873	0.217	-0.419
chr1	22377472	23659781	0.173	0.702
chr1	24230431	27625133	0.304	0.276
chr1	27864815	46726601	0.305	0.233

## 多列数值的折线图数据 ↴



## 有多条折线的折线图

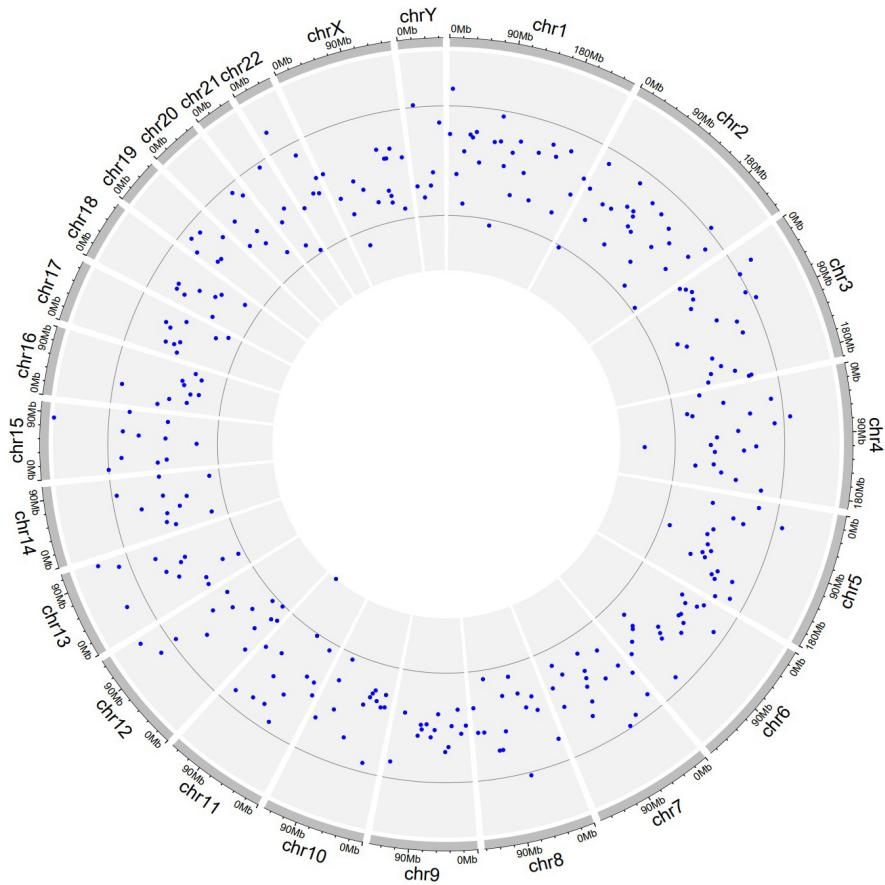
### 2.2.3 point

绘制散点图的数据和绘制折线图的数据类似。

标准的散点图数据应该包含四列，分别为chr、start、end和value1，如下图所示：

chr	start	end	value1
chr1	1769292	1796134	0.339
chr1	4881594	5495466	1.005
chr1	9076857	21130138	-0.247
chr1	27279764	27941507	0.092
chr1	28351697	32840519	-0.677
chr1	35166605	38111246	0.344

## 标准的散点图数据 ↴

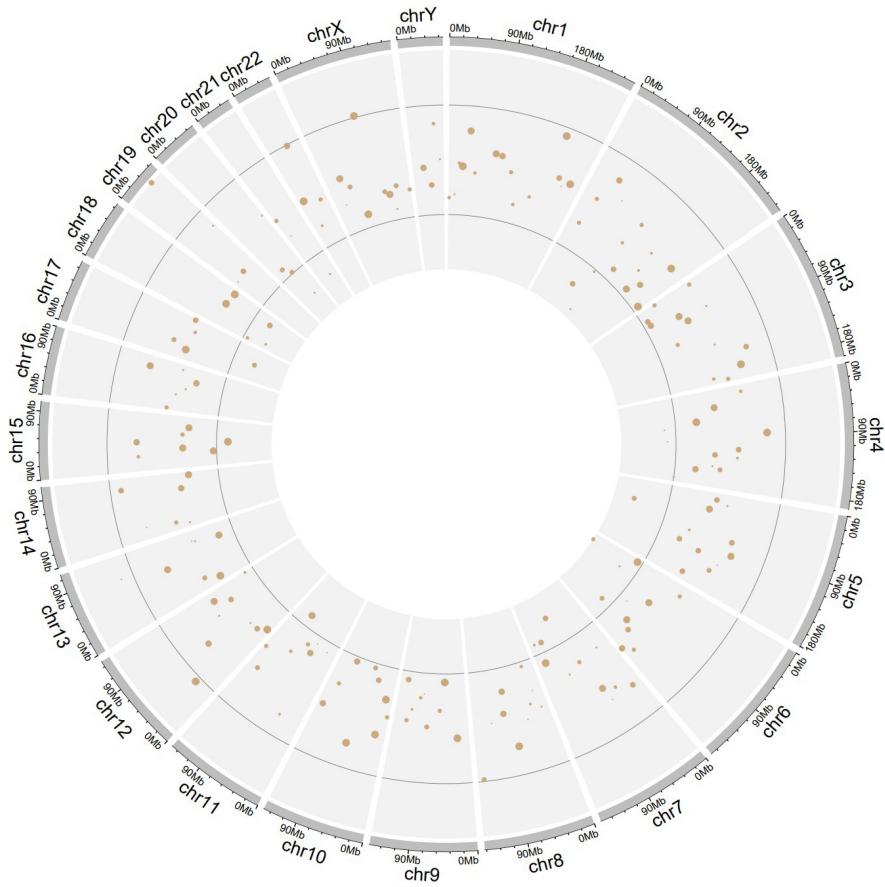


## 标准的散点图

数据中可以包含一列用来调控点的大小 (过大的值可以会产生不可预料的后果)

chr	start	end	value	cex
chr1	1326341	1845331	-0.374	0.5
chr1	9901462	15656953	-0.321	0.3
chr1	18241935	21630011	0.172	0.5
chr1	24382163	28861398	0.125	1.1
chr1	32942869	41209388	0.685	1
chr1	46216384	55439876	0.035	0.5

带有 “cex” 列的散点图数据 ↴

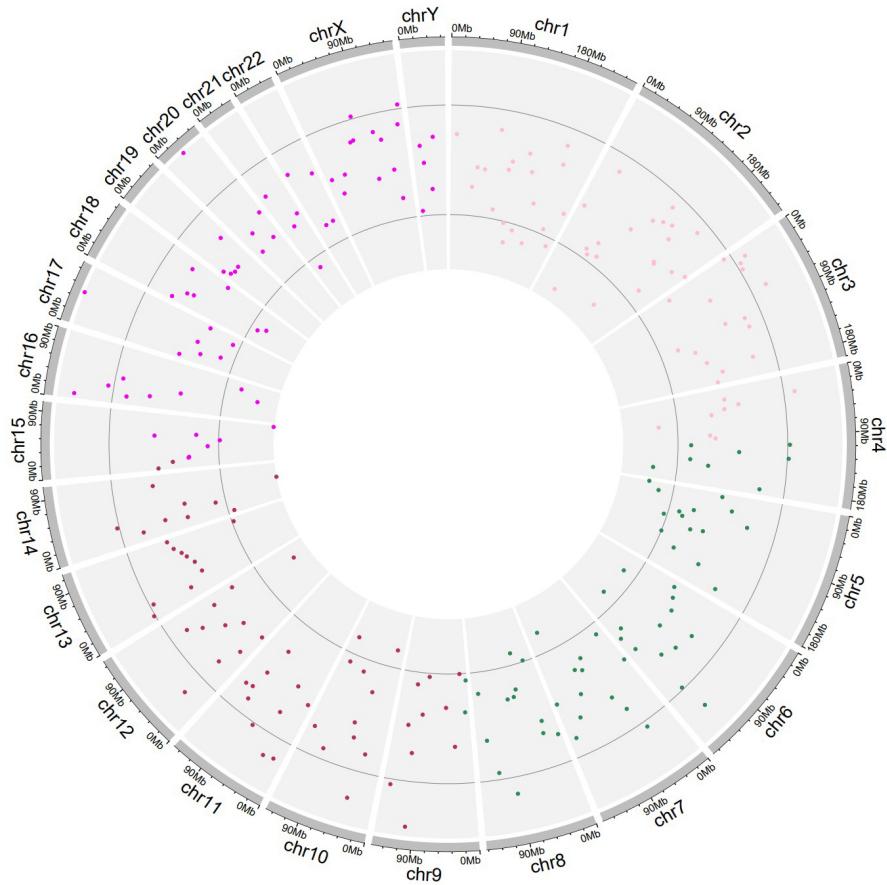


具有不同大小的点的散点图

同样的，散点图一样支持使用颜色列来调控不同点的颜色（请使用合规的颜色值）

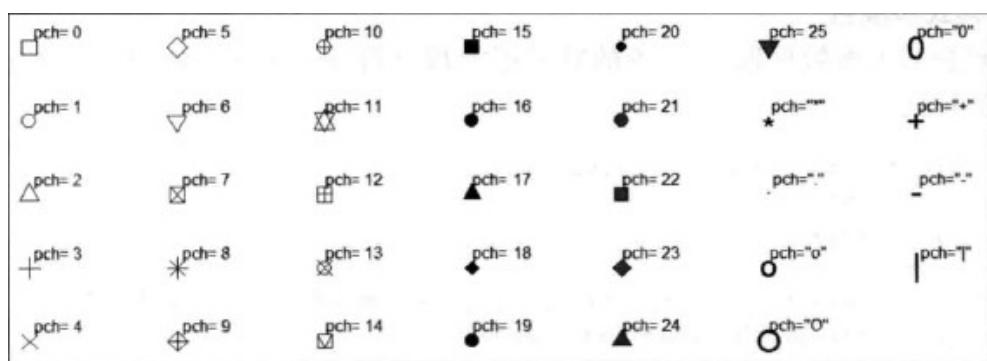
chr	start	end	value	color
chr1	6098636	13915642	0.372	a
chr1	42002814	45209039	-0.253	a
chr1	49351404	52528510	-0.011	a
chr1	64806490	66012454	-0.025	a
chr1	82448410	86862907	0.477	a
chr1	92542207	95289412	-0.489	a

带有“color”列的散点图数据 ↴



具有不同颜色的点的散点图

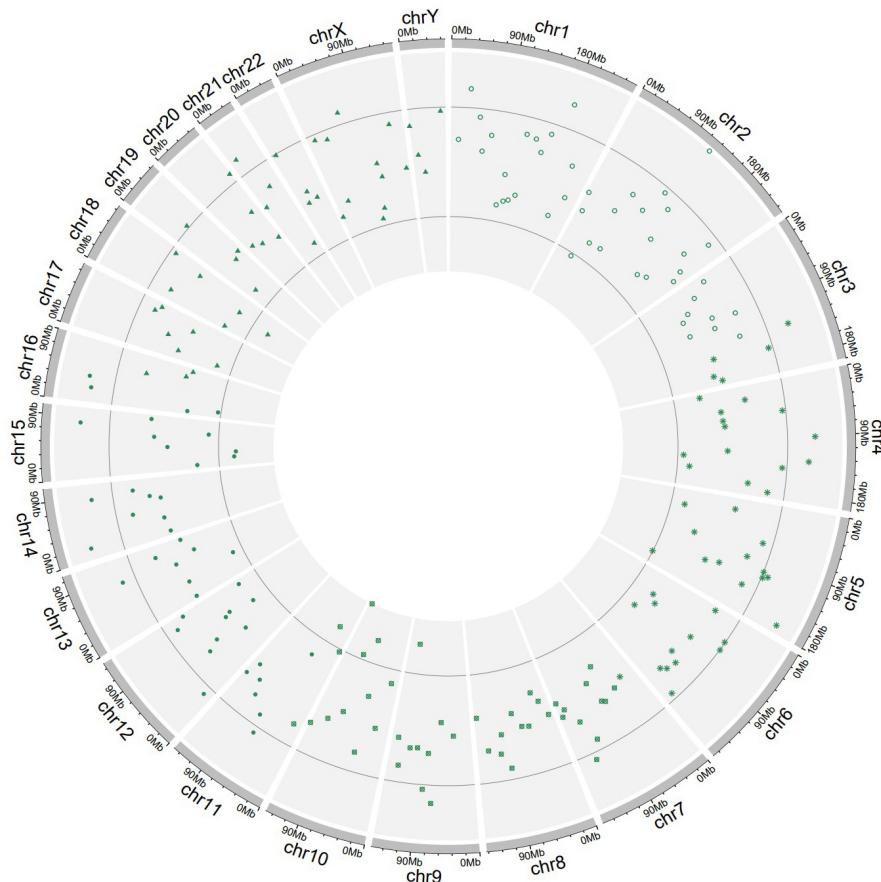
也可以添加一列来控制点的类型 (pch的不同取值情况如下图)



pch的参考值

chr	start	end	value	pch
chr1	8605110	17214753	0.208	1
chr1	22124150	36435838	0.905	1
chr1	43831505	49353791	0.53	1
chr1	50596455	60340980	0.072	1
chr1	65153170	71982950	0.301	1
chr1	97376484	99759071	-0.622	1

带有“pch”列的散点图数据 ↴

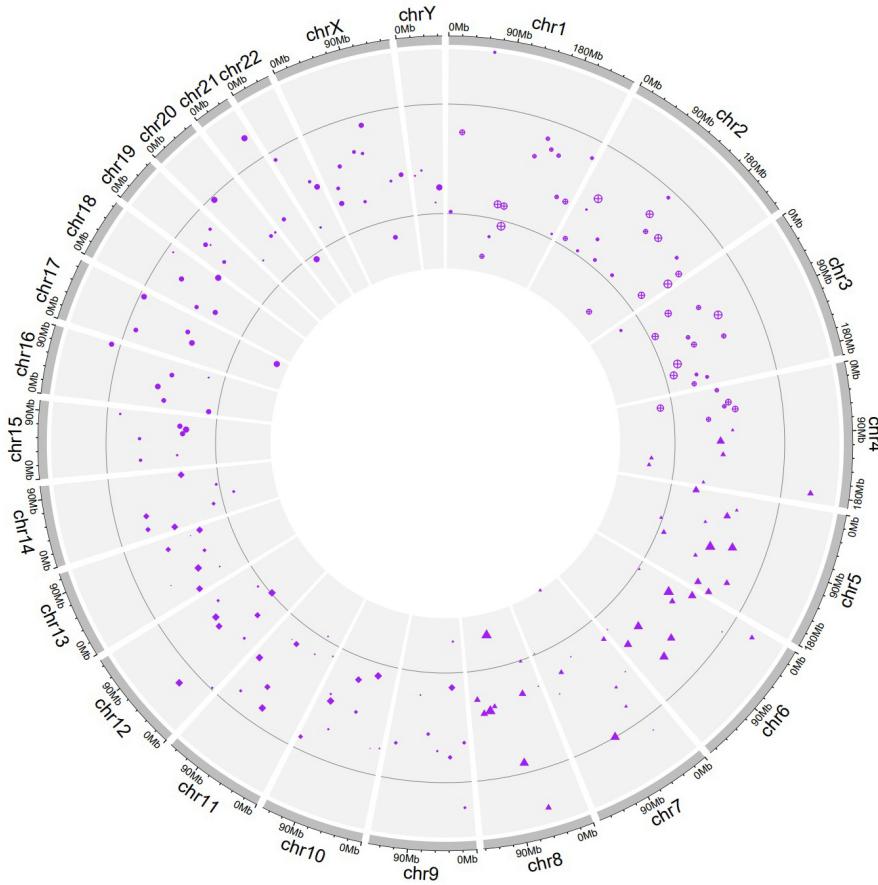


具有不同类型的点的散点图

这几个类型的调控列也可以任意组合

chr	start	end	value	pch	cex
chr1	4049230	11358879	-0.59	10	0.4
chr1	18671867	29619034	0.442	10	0.7
chr1	57445176	66216574	1.511	10	0.3
chr1	96228476	98543344	-1.121	10	0.6
chr1	1.04E+08	1.07E+08	-0.854	10	0.3
chr1	1.09E+08	1.1E+08	-0.421	10	1

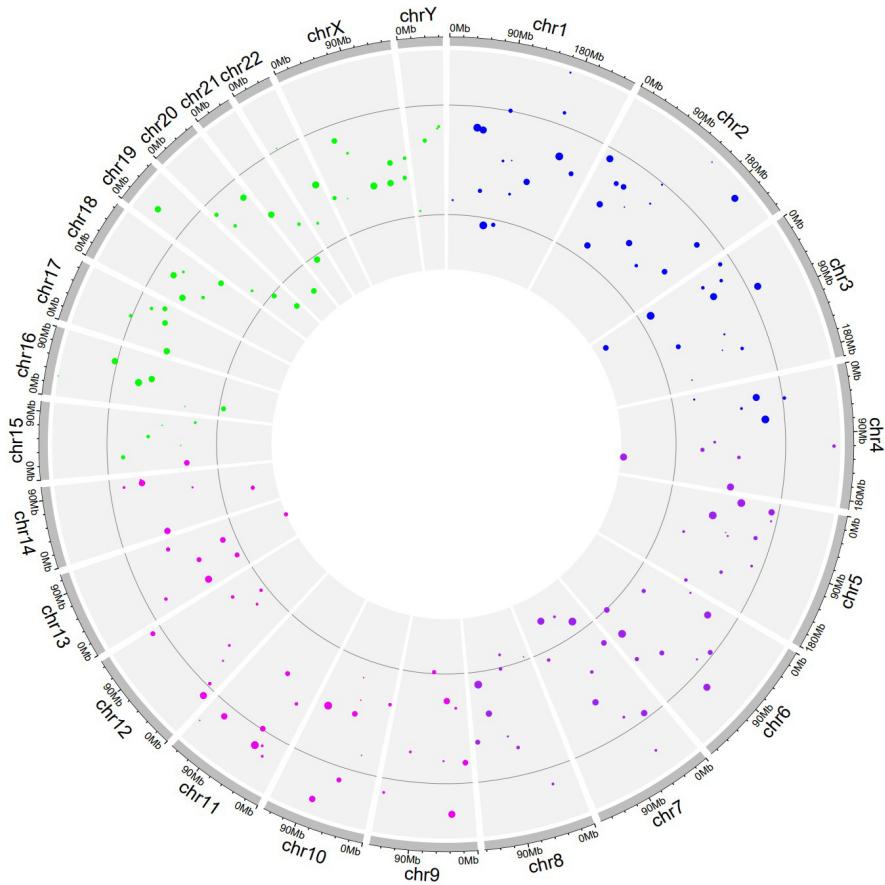
带有 “pch” 、 “cex” 列的散点图数据 ↴



具有不同大小和不同类型的点的散点图

chr	start	end	value	color	cex
chr1	8900700	9211013	-0.6	a	0.3
chr1	38733680	54945292	0.233	a	1.1
chr1	56997278	57258274	0.214	a	1
chr1	63421486	66560161	-0.471	a	0.6
chr1	83102162	84271822	-0.851	a	1.1
chr1	92926675	98678200	0.476	a	0.6

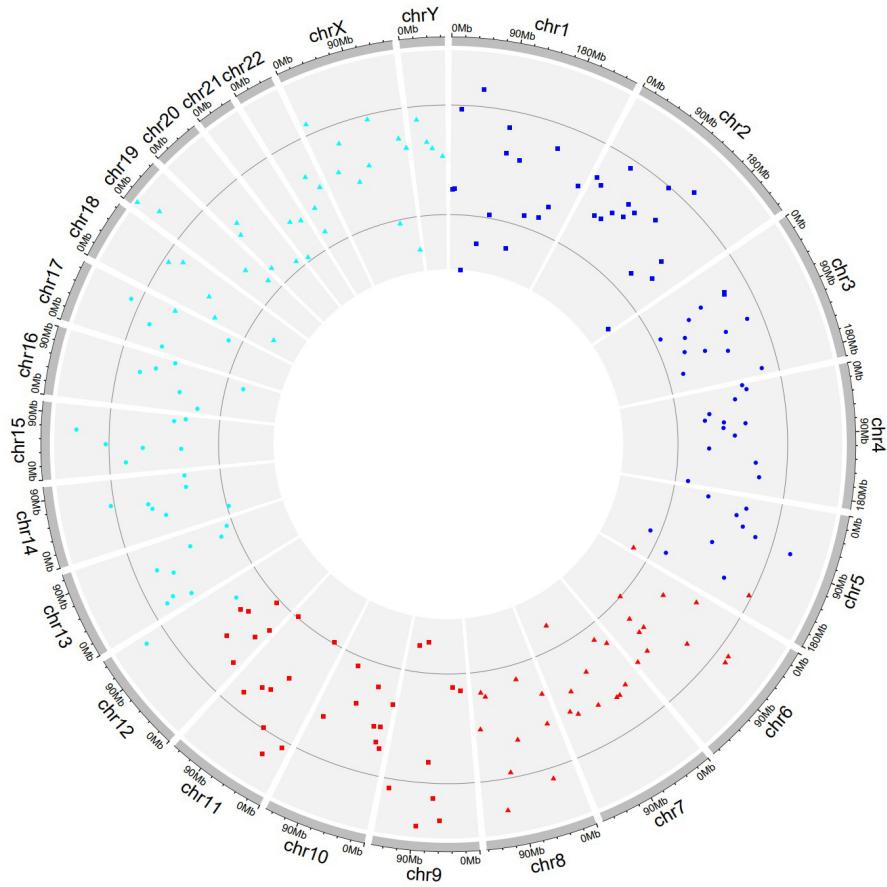
带有 “color” 、 “cex” 列的散点图数据 ↴



具有不同颜色和不同大小的点的散点图

chr	start	end	value	color	pch
chr1	3768320	4851773	-0.416	a	15
chr1	5712552	10112216	-0.41	a	15
chr1	15275256	18873862	0.589	a	15
chr1	28211635	37585705	-1.416	a	15
chr1	46691560	50561898	0.852	a	15
chr1	62357826	74411579	-1.075	a	15

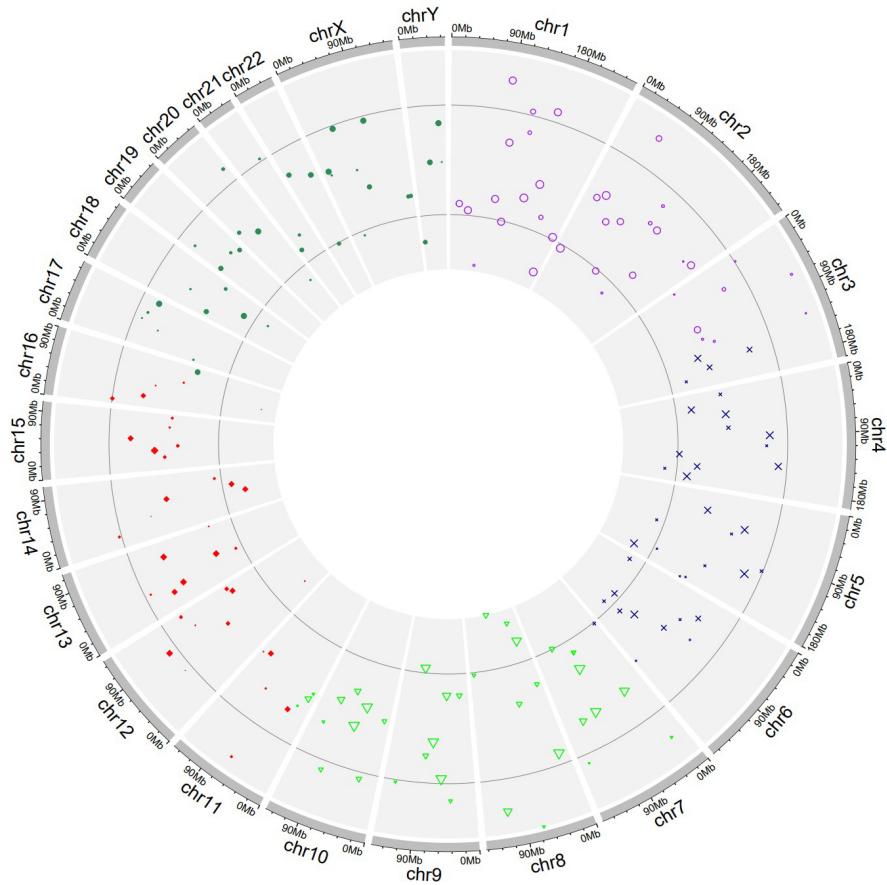
带有“color”、“pch”列的散点图数据 [↓](#)



具有不同颜色和不同类型的点的散点图

chr	start	end	value	color	pch	cex
chr1	14053524	24878326	-0.498	a	1	0.9
chr1	29640089	49313488	-0.565	a	1	1
chr1	53970010	87166913	-1.159	a	1	0.3
chr1	87537029	88337021	0.911	a	1	1
chr1	94359096	95393045	-0.402	a	1	1
chr1	100525029	101217751	0.235	a	1	1

同时带有 “color” 、 “pch” 和 “cex” 列的散点图数据 ↴

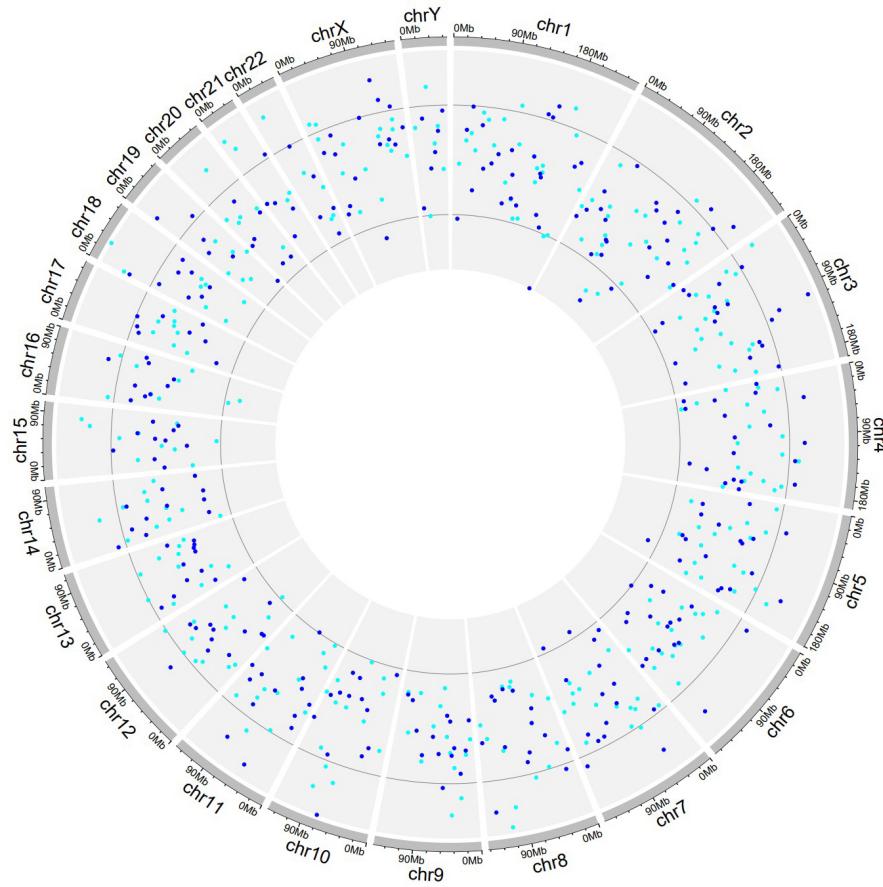


同时具有不同颜色、不同类型和不同大小的点的散点图

当然，散点图也能像折线图一样同时绘制多列数据

chr	start	end	value1	value2
chr1	7224218	16393864	-0.196	-0.955
chr1	21093451	25392112	0.128	0.275
chr1	31462827	31952156	0.234	0.6
chr1	38366450	42030463	0.001	-0.552
chr1	44307009	53690628	0.53	0.355
chr1	58017049	58046561	0.439	-0.24

带有多列“value”的散点图数据 ↴



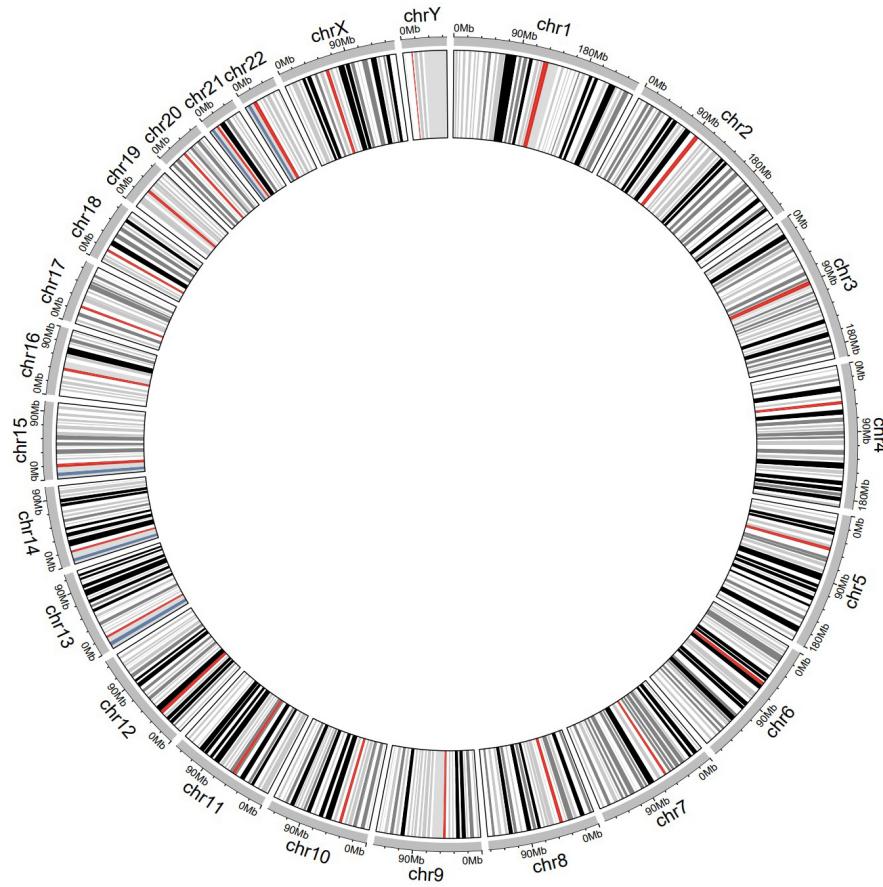
具有两个“value”的散点图

#### 2.2.4 ideogram

shinyCircos-V2.0也可以将染色体条带绘制在任意“Track”上，染色体条带数据的格式和绘制染色体的细胞带数据数据是一样的

chr	start	end	value1	value2
chr1	1	2300000	p36.33	gneg
chr1	2300000	5400000	p36.32	gpos25
chr1	5400000	7200000	p36.31	gneg
chr1	7200000	9200000	p36.23	gpos25
chr1	9200000	12700000	p36.22	gneg
chr1	12700000	16200000	p36.21	gpos50

染色体条带数据 ↴



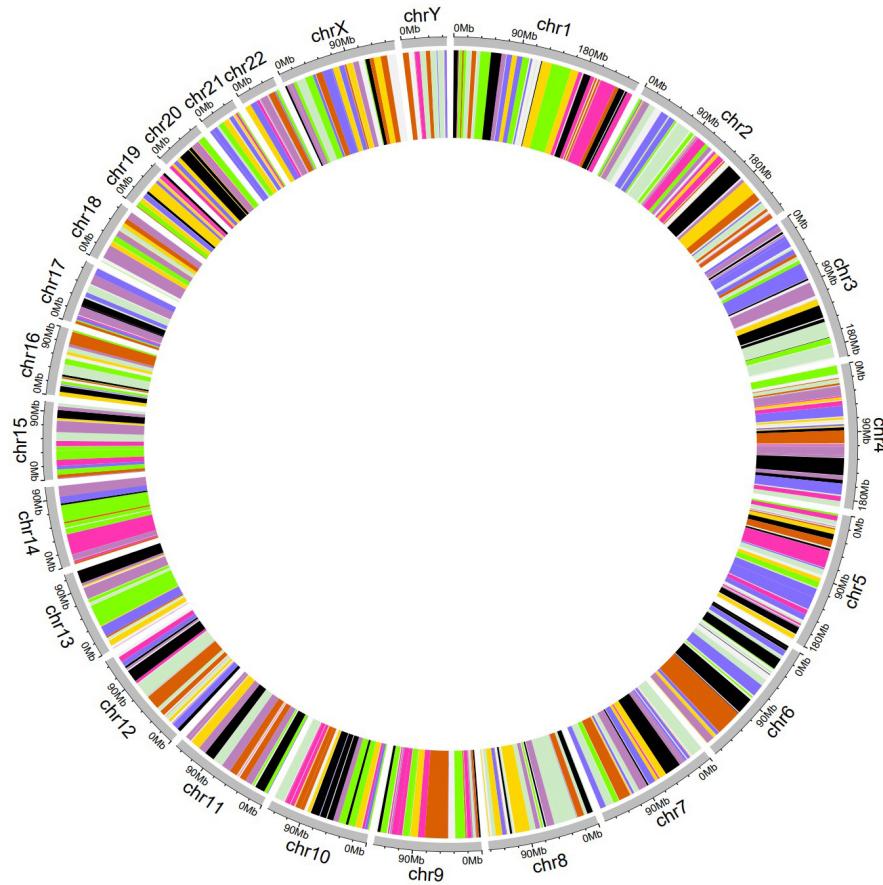
染色体条带

## 2.2.5 rect-discrete

矩形图可以理解为单行的热图，离散型的矩形图数据包含四列，分别为：chr、strat、end和group，如下图所示

chr	start	end	group
chr1	1465	5857186	b
chr1	6005405	7051583	c
chr1	7459754	11390112	h
chr1	11461667	11666810	h
chr1	11735789	13740274	a
chr1	13741155	17190699	h

离散型矩形图数据 [↓](#)



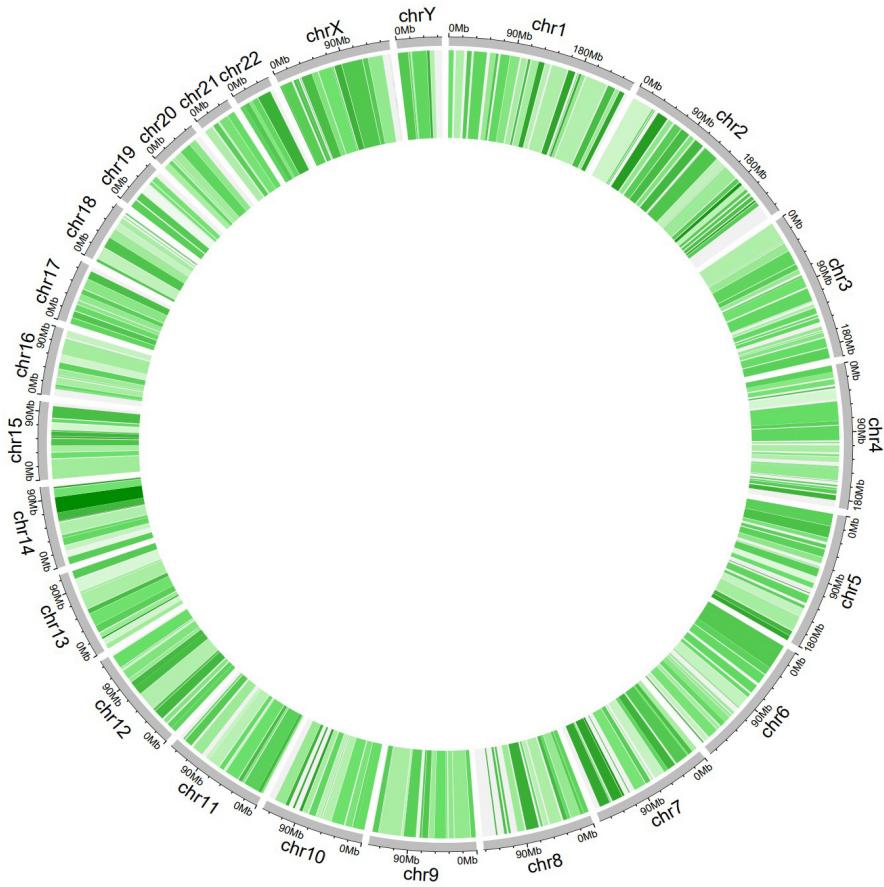
离散型矩形图

### 2.2.6 rect-gradual

连续型的矩形图数据包含四列，分别为：chr、strat、end和group，如下图所示

chr	start	end	value
chr1	1	6657591	0.034
chr1	9792529	20706145	-0.527
chr1	24807376	30831596	0.355
chr1	31003801	31338988	-0.425
chr1	33917405	51335905	0.216
chr1	55862806	63502192	-0.299

连续型矩形图数据 ↴



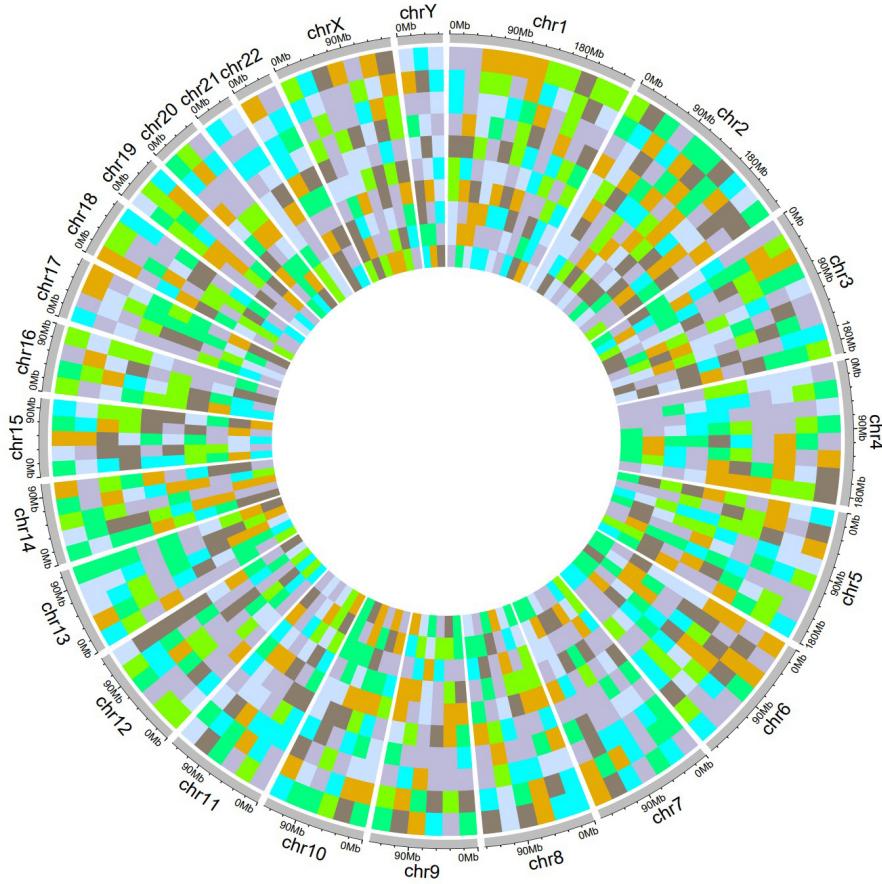
连续型矩形图

### 2.2.7 heatmap-discrete

离散型的热图数据至少包含四列，分别为：chr、strat、end和group1，group列可以有多少个，如下图所示

chr	start	end	group1	group2	group3	group4	group5	group6	group7	group8	group9	group10
chr1	20621957	21209624	d	a	a	e	e	c	d	g	g	d
chr1	42967726	53028972	f	b	h	b	g	c	b	h	h	d
chr1	58915991	65942365	a	b	b	c	h	e	a	a	e	b
chr1	67474486	70468059	g	d	b	a	a	d	f	a	e	b
chr1	70834716	93392812	g	h	g	b	a	c	h	g	h	b
chr1	98646692	105744994	a	d	g	c	d	e	e	f	b	b

离散型热图数据 ↴



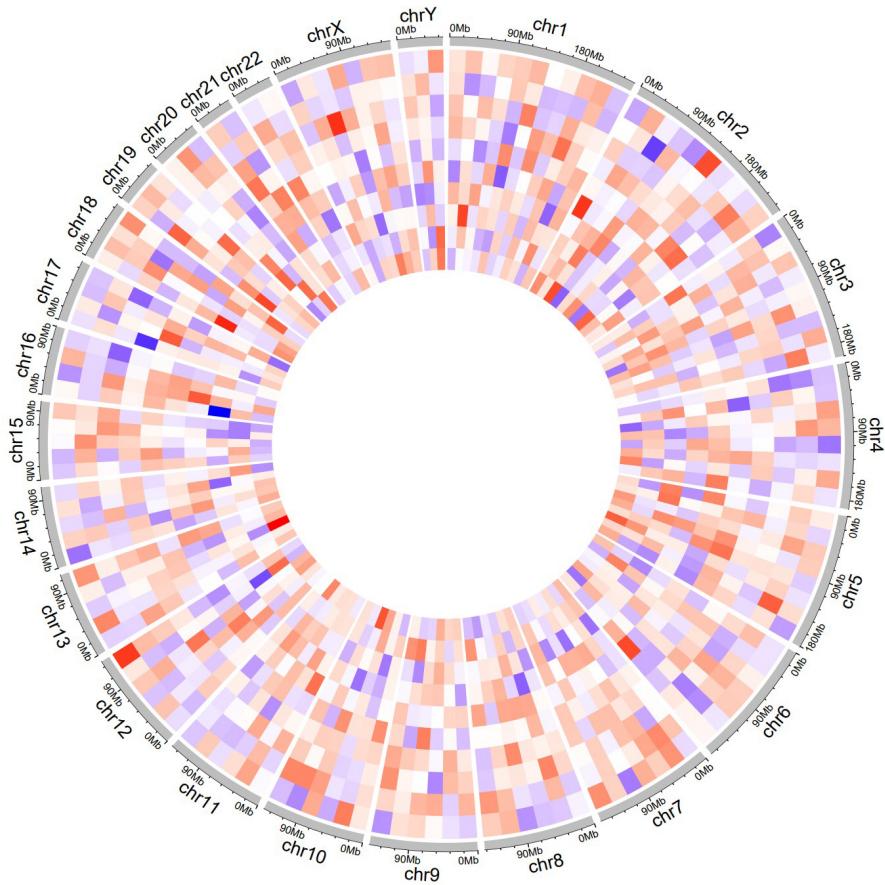
离散型热图

## 2.2.8 heatmap-gradual

连续型的热图数据至少包含四列，分别为：chr、start、end和value1，value列可以有多个，如下图所示

chr	start	end	value1	value2	value3	value4	value5	value6	value7	value8	value9	value10
chr1	20621957	21209624	-0.672	-0.271	-0.001	0.486	-0.986	-0.37	0.48	0.38	0.158	0.108
chr1	42967726	53028972	-0.147	0.387	1.332	0.182	0.16	-0.132	0.234	-0.089	-0.918	0.397
chr1	58915991	65942365	-0.214	-0.059	-0.332	0.654	-0.402	-0.953	-0.046	0.449	-0.615	-0.07
chr1	67474486	70468059	-0.314	-0.67	0.24	-0.221	0.582	-0.536	-0.438	0.153	-0.14	0.242
chr1	70834716	93392812	0.372	-0.812	0.129	0.087	-1.307	0.846	-1.062	-0.653	0.345	0.315
chr1	99846692	1.06E+08	-0.437	0.245	-0.422	0.273	-0.374	-0.522	-0.147	0.924	0.057	0.483

连续型热图数据 ↴



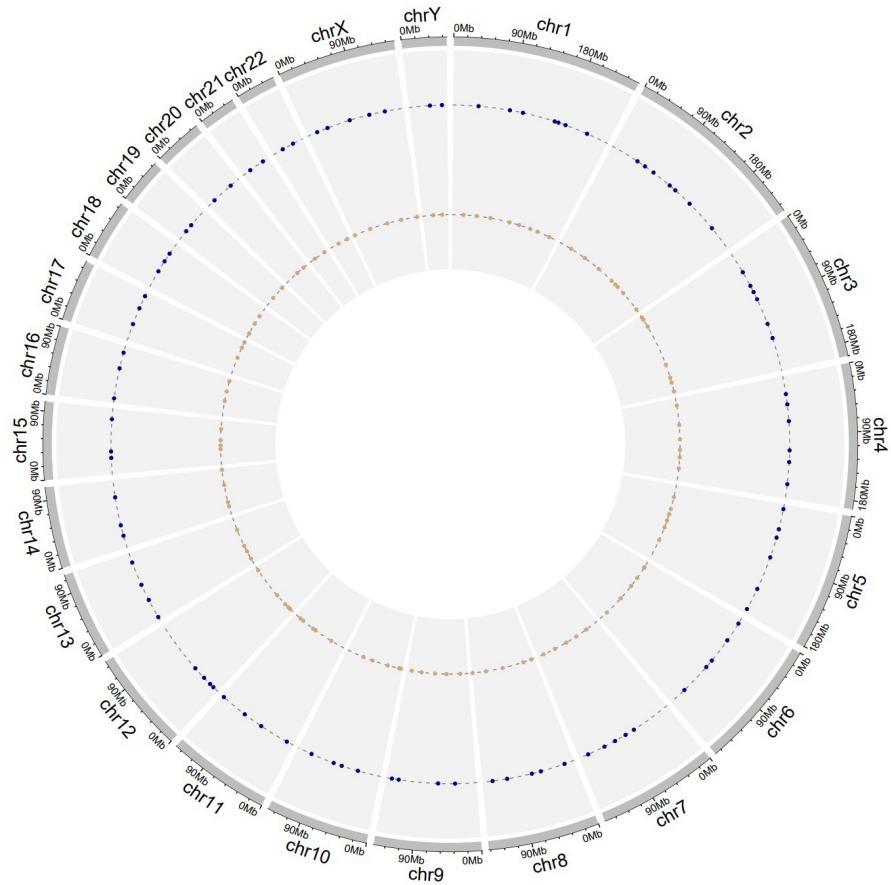
连续型热图

## 2.2.9 stack-point

shinyCircos-V2.0还可以绘制堆叠的散点图，其数据应包含四列，分别的：chr、start、end和stack，值得注意的是，stack列代表了数据的分组情况，同一组会被绘制在一行，如下图所示

chr	start	end	stack
chr1	11589909	40133642	a
chr1	52614734	59580026	a
chr1	76931882	99383558	a
chr1	87453098	89776607	b
chr1	107231283	111232493	b
chr1	157904163	162911422	b

堆叠散点图数据 ↴



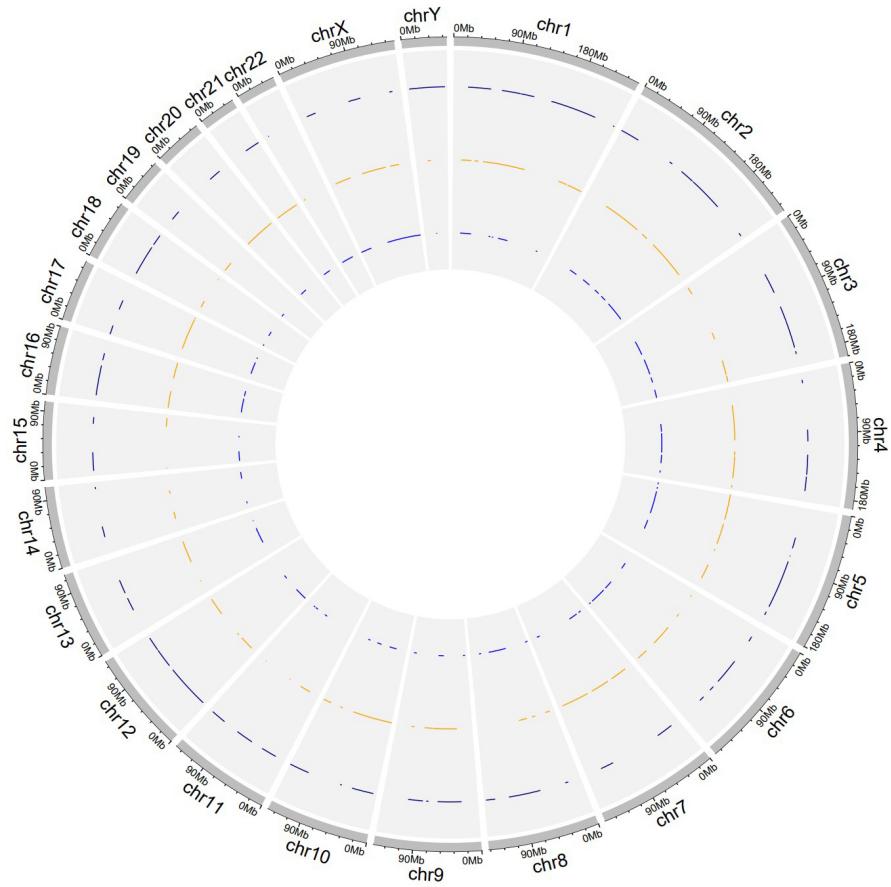
堆叠散点图

### 2.2.10 stack-line

堆叠的线图和堆叠的散点图类似，其数据也应包含四列，分别的：chr、start、end和stack，值得注意的是，stack列代表了数据的分组情况，同一组会被绘制在一行，如下图所示

chr	start	end	stack
chr1	20646359	46383846	a
chr1	92365687	94981461	a
chr2	55415849	73121067	a
chr1	16051196	33970939	b
chr1	40831033	46774887	b
chr2	43510332	52327672	b

堆叠线图数据 [↓](#)



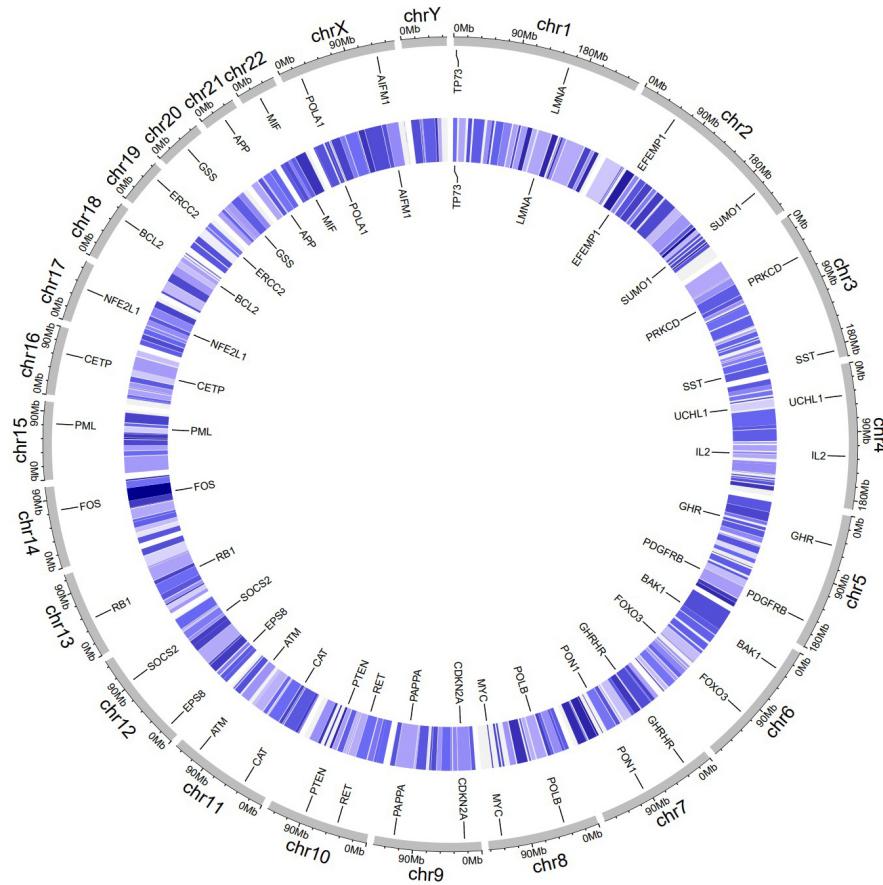
堆叠线图

## 2.3 label data

标签数据是用来注释基因组或解释track的数据，将在在图上呈现出一个个的标签，其数据应该包含四列,如下图所示

chr	start	end	label
chr1	3698046	3736201	TP73
chr1	1.56E+08	1.56E+08	LMNA
chr2	2.02E+08	2.02E+08	SUMO1
chr2	55865967	55924139	EFEMP1
chr3	1.88E+08	1.88E+08	SST
chr3	53161207	53192717	PRKCD

标签数据 ↴



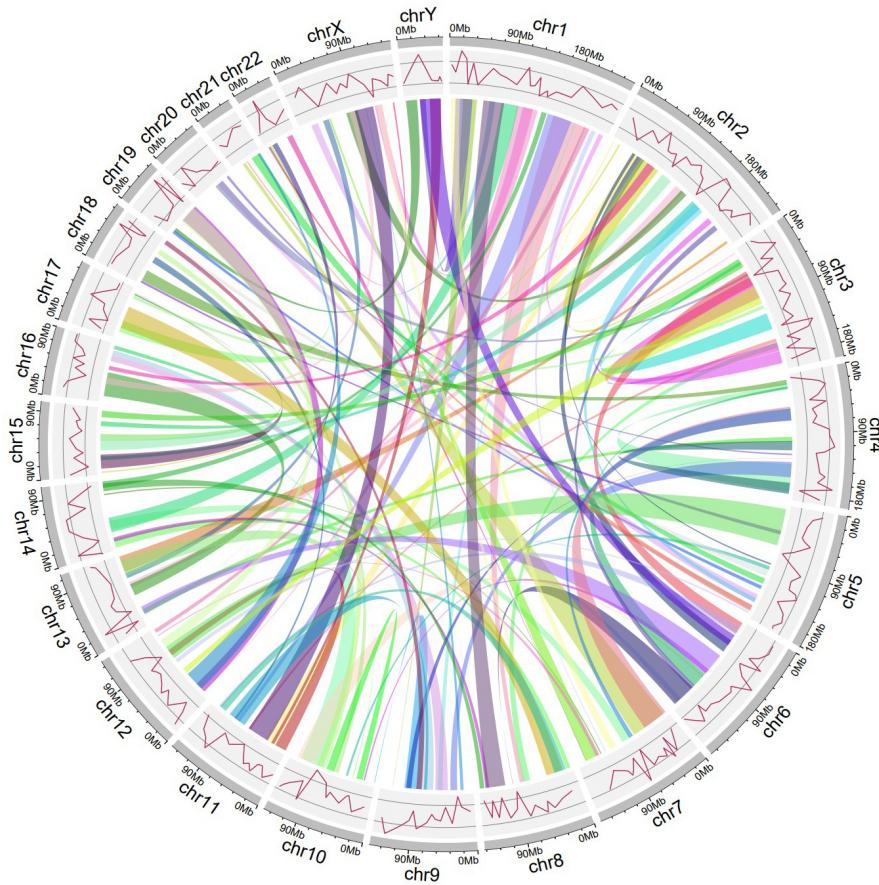
## Circos图的标签

## 2.4 links data

link数据至少应该包含六列，分别代表着连接线的头和尾，具体格式如下图所示

chr1	start1	end1	chr2	start2	end2
chr20	37720821	47419255	chr5	162124929	168434522
chr8	76179361	83302661	chr1	162049212	213797379
chr2	38375277	49805216	chr11	19060895	36294068
chr2	120255288	134792772	chr13	62362083	71502856
chr4	95199225	102508113	chr13	16327889	24910342
chr15	83769167	83992136	chr10	83790329	119443216

## 标准的link数据 ↴

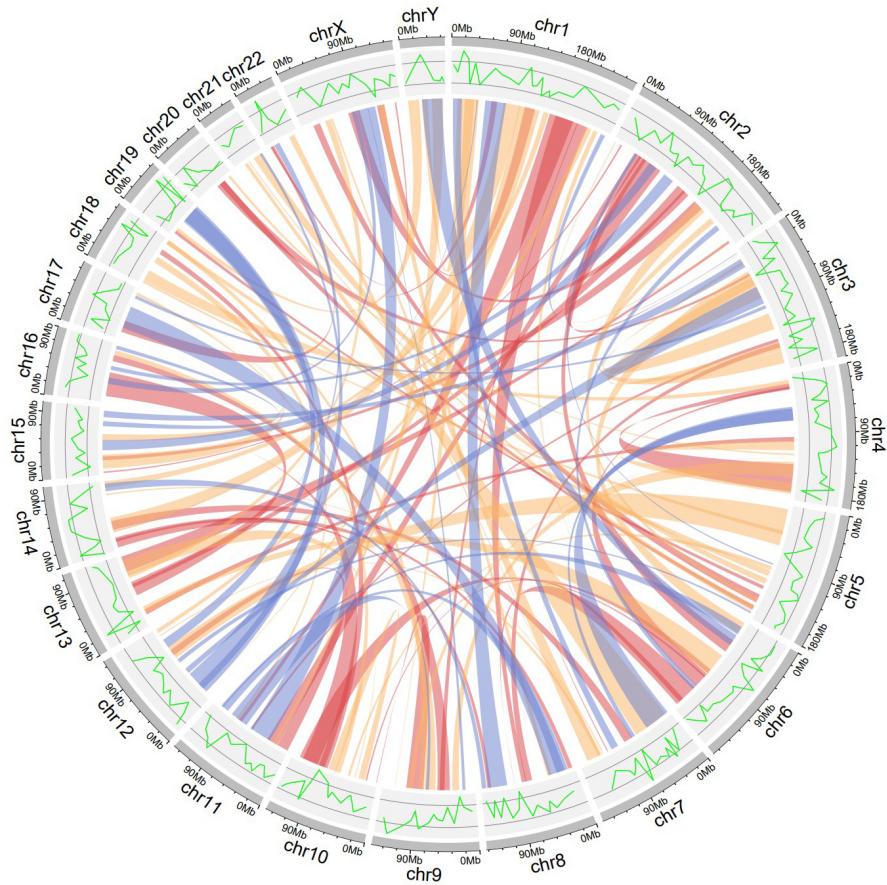


## Circos图的link

除了必要的六列数据外，还可以再加一列用来控制link的颜色，支持两种格式来调整link的颜色，离散值和连续值，如下图所示

chr1	start1	end1	chr2	start2	end2	color
chr20	37720821	47419255	chr5	1.62E+08	1.68E+08	c
chr8	76179361	83302661	chr1	1.62E+08	2.14E+08	c
chr2	38375277	49805216	chr11	19060895	36294068	b
chr2	1.2E+08	1.35E+08	chr13	62362083	71502856	a
chr4	95199225	1.03E+08	chr13	16327889	24910342	a
chr15	83769167	83992136	chr10	83790329	1.19E+08	b

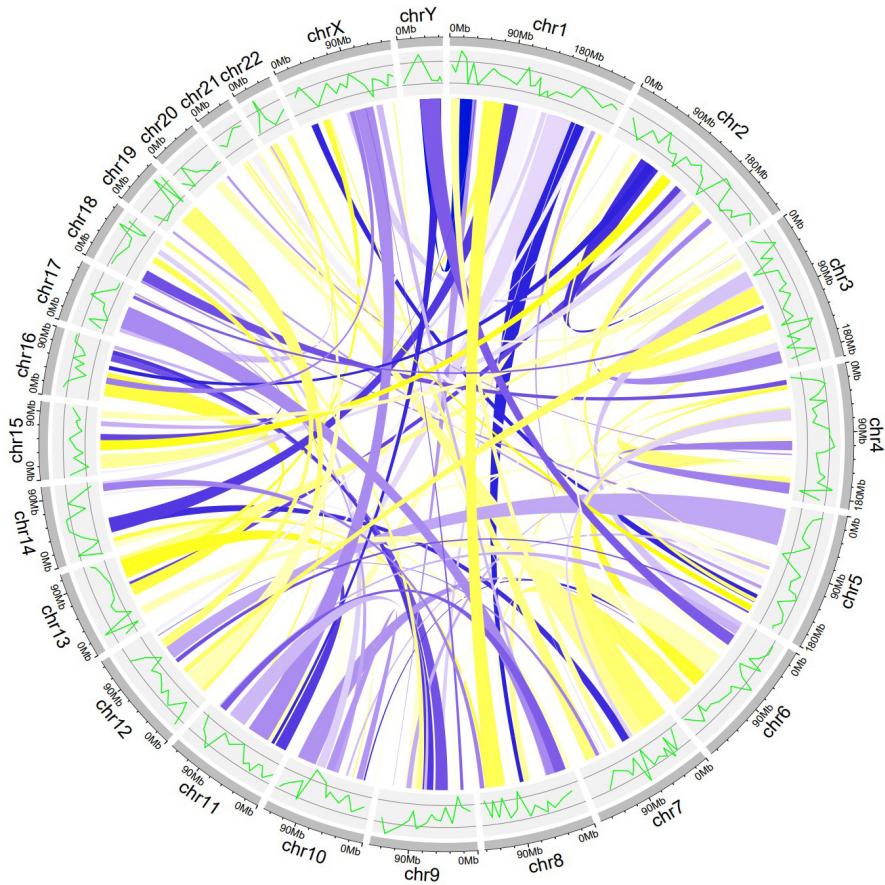
带有离散颜色值的link数据 [↓](#)



Circos图的link (离散颜色值)

chr1	start1	end1	chr2	start2	end2	color
chr20	37720821	47419255	chr5	1.62E+08	1.68E+08	217
chr8	76179361	83302661	chr1	1.62E+08	2.14E+08	7
chr2	38375277	49805216	chr11	19060895	36294068	206
chr2	1.2E+08	1.35E+08	chr13	62362083	71502856	27
chr4	95199225	1.03E+08	chr13	16327889	24910342	189
chr15	83769167	83992136	chr10	83790329	1.19E+08	161

带有连续颜色值的link数据 ↴



Circos图的link (连续颜色值)

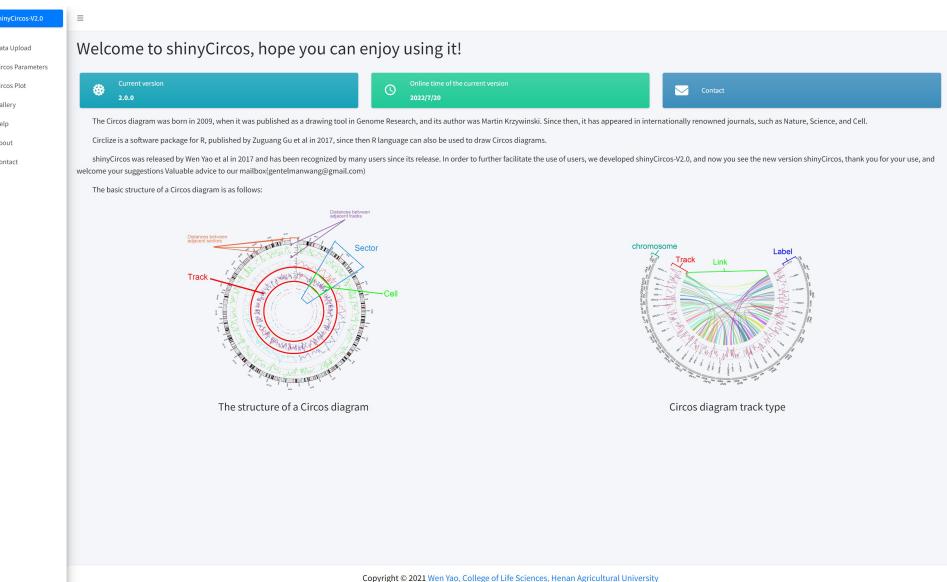
### 3. 使用帮助

#### 3.1 在线使用shinyCircos-V2.0

在线使用shinyCircos-V2.0的网址是<https://venyao.xyz/shinyCircos2.0/>。当用户首次访问shinyCircos-V2.0的时候，网站的载入速度可能会比较慢，一方面可能是网络的问题，另一方面，服务器为了节约资源，在网站处于非活动状态时，shinyCircos-V2.0会进入休眠节约资源，这就导致了一段时间后的首次访问加载速度会比较慢。因此，第一次访问可能需要一些时间，一旦网站被激活，shinyCircos-V2.0就可以被流畅、方便地使用。

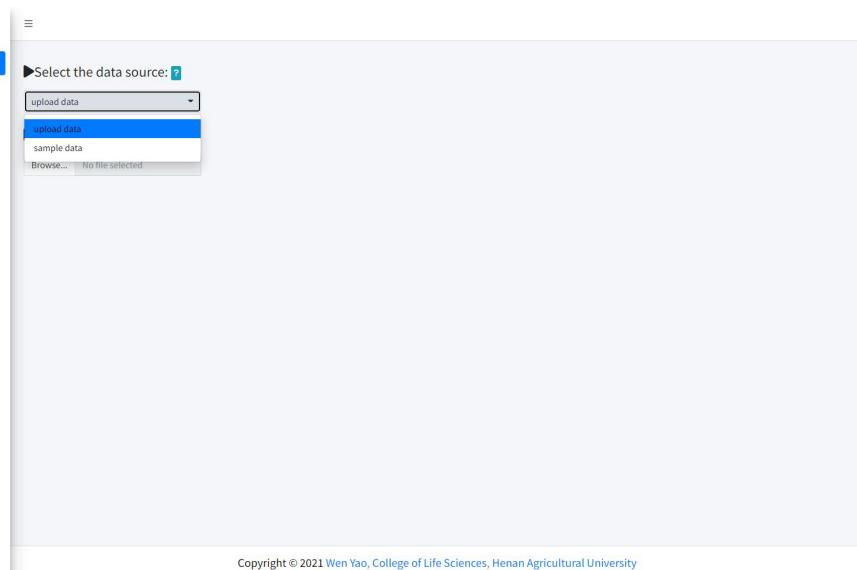
#### 3.2 shinyCircos-V2.0的界面

shinyCircos-V2.0应用程序包含8个主菜单：“shinyCircos-V2.0”，“Data Upload”，“Circos Parameters”，“Circos Plot”，“Gallery”，“Help”，“About”和“Contact”（见下图）。“shinyCircos-V2.0”菜单列出了shinyCircos-V2.0应用程序当前版本已经对Circos图的基本介绍。



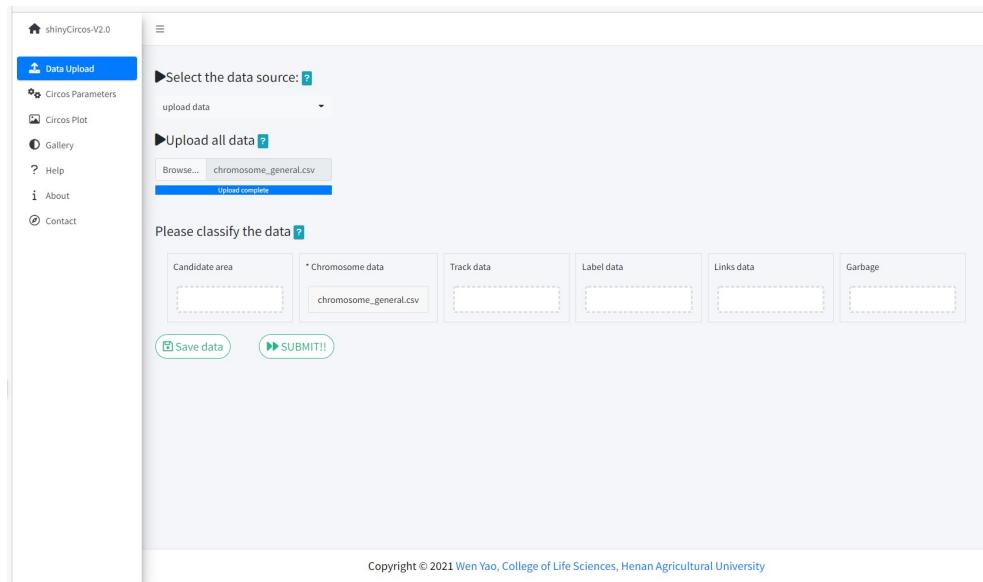
## shinyCircos-V2.0的主页面

“Data Upload” 菜单允许用户上传输入数据或是载入示例数据（如下图）。



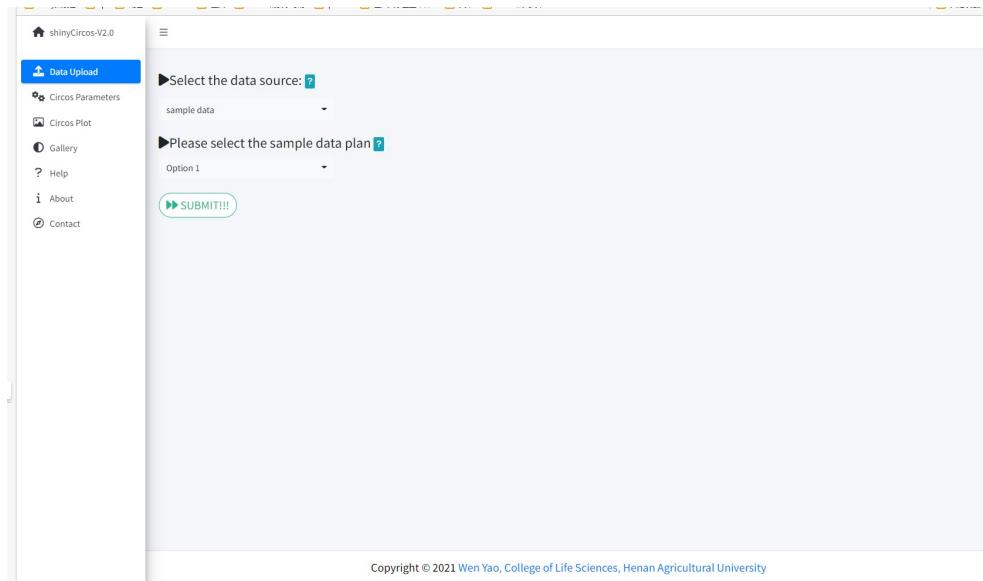
## 选择数据来源

不同的输入数据将会呈现不同的界面，若选择“upload data”，上传数据后将会呈现数据分类界面（如下图），将数据拖拽入合适的框中后，点击“Save data”，接下来可以继续上传数据或是点击“Submit!”，应用将会在检查数据无误后跳转到下一个界面。



## 自行上传数据

若选择“sample data”，则用户可以选择示例数据集点击“Submit!”(如下图)，应用将会跳转到下一个界面。



## 使用示例数据

“Circos Parameters”菜单将会罗列所有用户上传的数据或是加载的示例数据(如下图)，加载示例数据时也会一并加载参数配置，“Circos Parameters”菜单有四个板块，分别是Chromosome data、Track data、Label data、Links data，对应上一个页面不同的分类框，用户可以点击文件名后的小眼睛预览数据，也可以点击每一行最后的那个小齿轮来进行参数的配置，所有参数配置完毕后用户可以点击“Submit!”按钮进行绘图，同时应用程序将检查参数配置是否合理，如无错误则

跳转到“Circos Plot”菜单（注：跳转的过程可能不会很流畅，这是因为程序已经开始绘制图像了）。

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

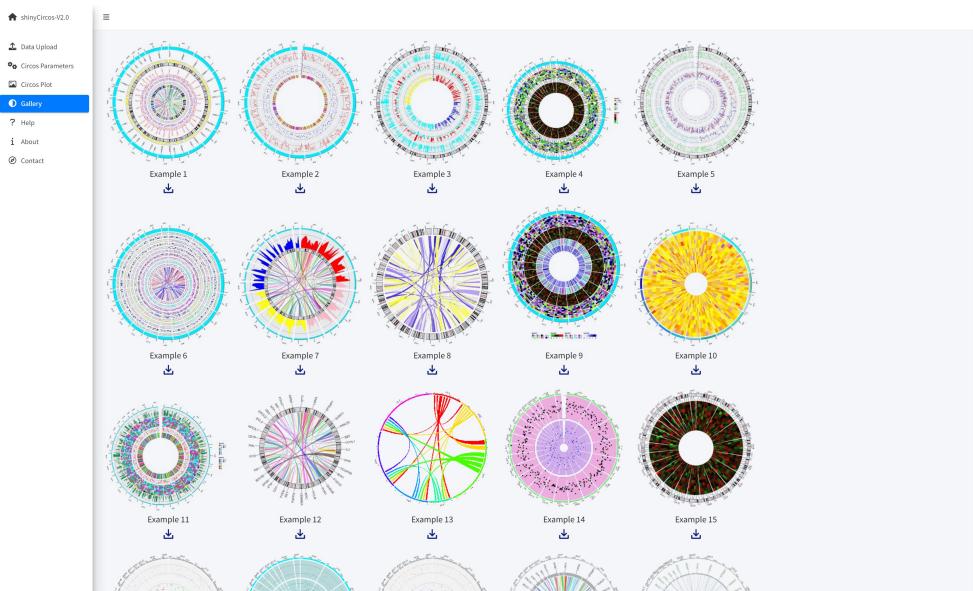
## Circos Parameters界面

“Circos Plot”菜单会根据用户的输入数据和参数选择输出对应图像，并且提供下载和微调参数，用户可以最后对图像进行调整，如添加图例，高亮区域等(如下图)，调整后不要忘了点击“Updata”更新图像。

## Circos Plot界面

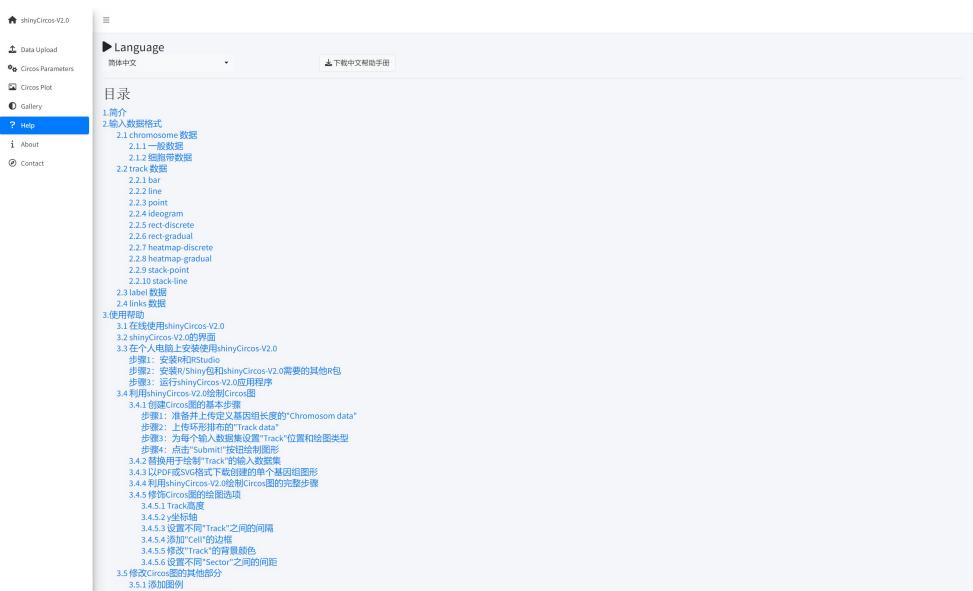
在shinyCircos-V2.0应用程序的“Gallery”菜单中列出了30个使用shinyCircos-V2.0创建的示例图形(如下图)。同时提供了用于生成每个示例图的数据集以供下载，其中包含所有输入文件，每个

输入文件都被合理命名，指示了数据集中每个文件对应的轨道和绘图类型。前十个示例图形的示例数据和“Data Upload”界面提供的示例文件配置相同。



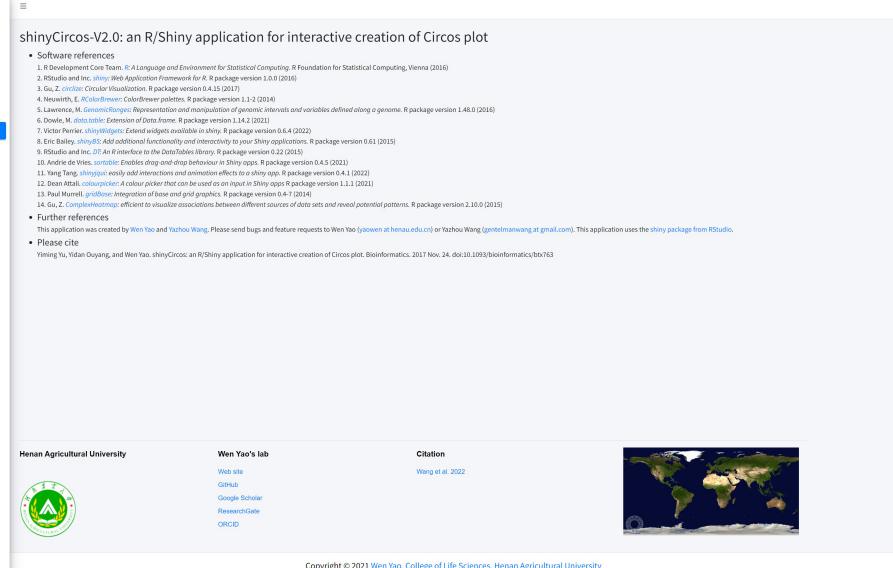
## Gallery界面

在shinyCircos-V2.0应用程序的“Help”菜单中我们详细编写了软件的帮助文档，用户可根据目录查阅对应的部分进行学习，支持中英文切换，同时也支持下载。



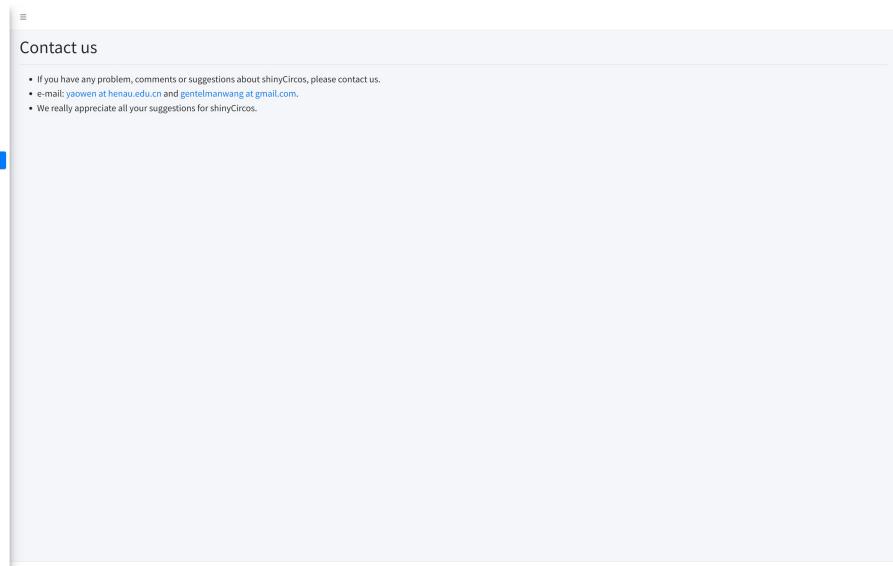
## Help界面

shinyCircos-V2.0的“About”菜单中我们声明了所使用的R软件包以及我们的详细信息。



## About界面

用户可以在shinyCircos-V2.0的“Contact”菜单中找到我们的联系方式。



## Contact界面

### 3.3 在个人电脑上安装使用shinyCircos-V2.0

用户可以选择在个人电脑(Windows、Mac或Linux)上安装和运行shinyCircos-V2.0，而无需将数据上传到在线服务器。shinyCircos-V2.0是跨平台的应用，即shinyCircos-V2.0可以安装在任何具有可用R环境的平台上。shinyCircos-V2.0的安装包括三个步骤。

#### 步骤1：安装R和RStudio

请查看CRAN (<https://cran.r-project.org/>)以了解R的安装过程。

## 步骤2：安装R/Shiny包和shinyCircos-V2.0需要的其他R包

使用RStudio启动一个R会话并运行以下代码行：

```
# try an http CRAN mirror if https CRAN mirror doesn't work
install.packages("shiny")
install.packages("circlize")
install.packages("bs4Dash")
install.packages("DT")
install.packages("RColorBrewer")
install.packages("shinyWidgets")
install.packages("data.table")
install.packages("shinyBS")
install.packages("sortable")
install.packages("shinyjqui")
install.packages("shinycssloaders")
install.packages("colourpicker")
install.packages("gridBase")
install.packages("BiocManager")
BiocManager::install("ComplexHeatmap")
BiocManager::install("GenomicRanges")
```

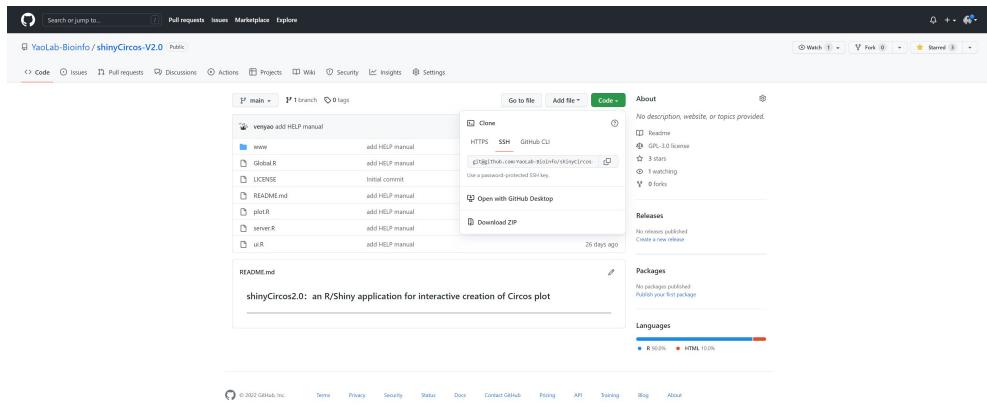
## 步骤3：运行shinyCircos-V2.0应用程序

使用RStudio启动R会话并运行以下代码行：

```
shiny::runGitHub("shinyCircos-V2.0", "YaoLab-Bioinfo")
```

此命令将从GitHub下载shinyCircos-V2.0的源代码到您计算机的临时目录中，然后在web浏览器中启动shinyCircos-V2.0应用程序。一旦网页浏览器关闭，下载的shinyCircos-V2.0代码将从您的电脑中删除。下次在RStudio中运行这个命令时，它将再次从GitHub下载shinyCircos-V2.0的源代码到一个临时目录。这个过程十分麻烦，因为从GitHub下载shinyCircos-V2.0的代码需要一些时间。

建议用户将shinyCircos-V2.0的源代码从GitHub下载到您电脑的一个固定目录，如Windows上的“E:\apps”，按照下图所示的步骤，一个名为“shinyCircos-V2.0-master.zip”的zip文件将下载到您的计算机中。将此文件移动到“E:\apps”并解压缩此文件。然后在“E:\apps”中会生成一个名为“shinyCircos-V2.0-master”的目录。脚本“server.R”和“ui.R”可以在“E:\apps\shinyCircos-V2.0-master”中找到。然后，您可以通过在RStudio中运行以下几行脚本来启动shinyCircos-V2.0应用程序。



## 从GitHub下载源代码

```
library(shiny)
runApp("E:/apps/shinyCircos-V2.0-master", launch.browser = TRUE)
```

然后，shinyCircos-V2.0应用程序将在计算机的默认浏览器中打开。

### 3.4 利用shinyCircos-V2.0绘制Circos图

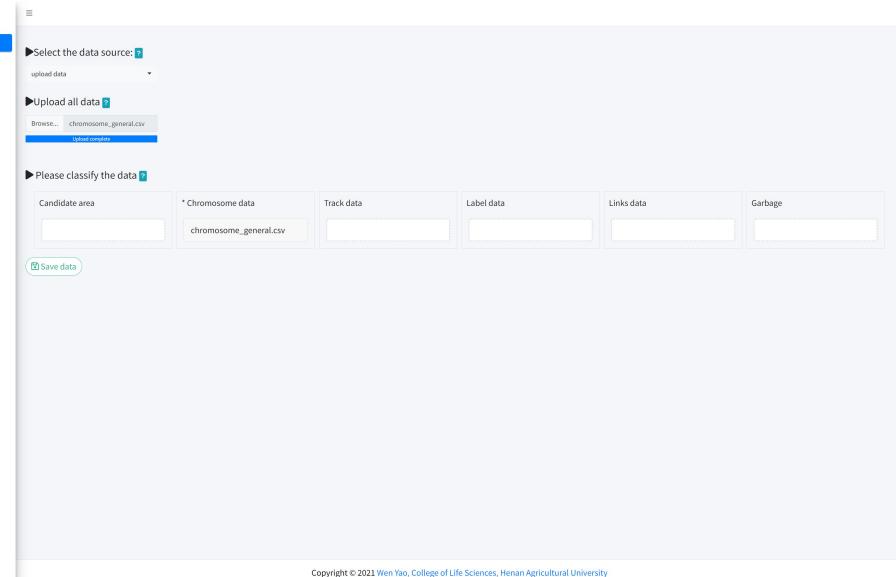
用户可以使用shinyCircos-V2.0 应用程序来创建Circos图。制作Circos图时，必须输入定义基因组中每条染色体长度的文件，以及若干个沿基因组排布的输入数据。在本节中，我们将演示使用shinyCircos-V2.0 中的示例数据集，创建Circos图的所有基本步骤。

#### 3.4.1 创建Circos图的基本步骤

##### 步骤1：准备并上传定义基因组长度的“Chromosom data”

基因组数据是必须输入的文件，它定义了Circos图的框架即 “Sector”的比例（示例数据集可以在解压后的源文件www\example\_data中获得）。基因组数据是一个包含三列或五列的文本文件，一般数据为三列，细胞带数据为五列。基因组数据的详细格式在前文的“[输入数据格式](#)”部分中有详细说明。

现在，我们已经准备好了这个文件并将它存储在磁盘上（例如Windows上的“E:/”）。接下来，我们需要通过shinyCircos-V2.0应用程序中“Data Upload”菜单将此文件上传到shinyCircos-V2.0应用程序中，数据来源选择“upload data”（如下图）。



## 上传染色体数据

### 步骤2：上传环形排布的“Track data”

用户可以上传若干个数据集，沿着步骤1中上传的基因组数据环形排布。“Data Upload”菜单的分类框中的“Track data”框就是为了这个目的而提供的（见上图）。在这里，我们使用两个输入数据集(barplot.csv和line.csv)来演示这个过程。用来创建不同类型“Track”的输入文件的详细格式前文的“[输入数据格式](#)”部分中有详细说明。首先，我们准备了两个文件并将它们存储在磁盘上（例如，windows上的“E:/”）。要将文件“barplot.csv”和“line.csv”上传到软件中，然后将其拖拽到“Track data”中，**依次点击“Save data”和“Submit!”**。

### 步骤3：为每个输入数据集设置“Track”位置和绘图类型

默认情况下，拖拽入选择框的顺序就是绘制“Track”的顺序，每个输入数据集的默认绘图类型为“point”。因为我们希望使用文件“barplot.csv”创建条形图，所以我们需要将文件“barplot.csv”对应的“Plot type”设置为“bar”（如下图），同样的“line.csv”对应的“Plot type”设置为“line”。

# shinyCircos-V2.0的参数设置界面

## 步骤4：点击“Submit!”按钮绘制图形

所有输入数据集成功上传到shinyCircos-V2.0 应用程序并正确设置轨道位置和绘图类型后，我们需要单击 “Circos Parameters” 菜单底部的 “Submit!” 按钮，告诉shinyCircos-V2.0去绘制图形。默认情况下，在绘制图形时，shinyCircos-V2.0将使用随机颜色或者预定义的颜色。

### 3.4.2 替换用于绘制“Track”的输入数据集

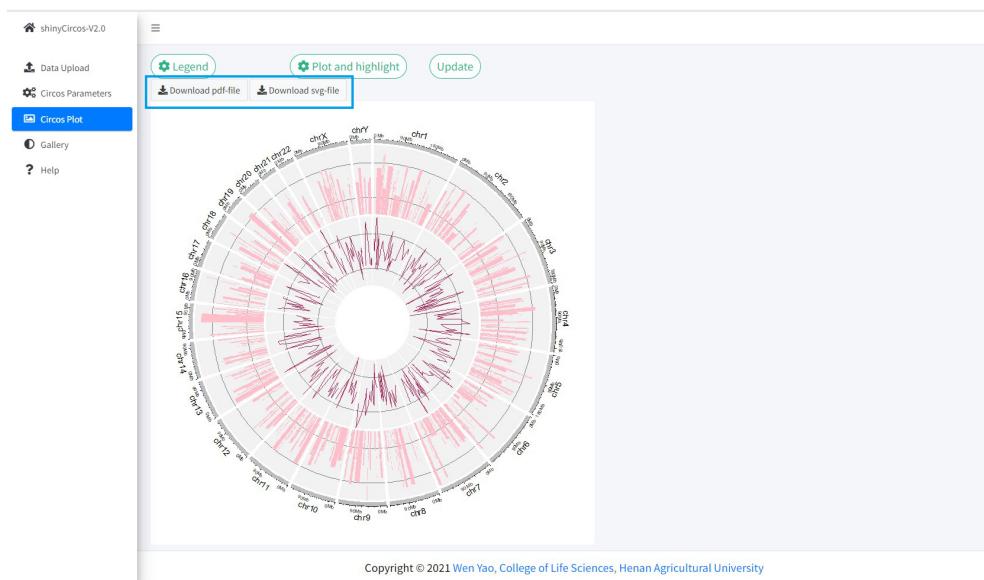
Circos图通常由分布在不同轨道上的几种基本类型的图形组成。每个图形都是使用用户上传的输入数据集创建的。有时，我们可能需要替换其中一个或多个输入文件，这样我们就可以更新单个基因组图形的某些组成部分，而无需重新创建整个图形。例如，我们想用一个新的输入文件

“rect\_discrete.csv” 来替换Track2的“line.csv”来创建离散型矩形图。为了达到这个目的，我们可以前往 “Data Upload” 中将 “rect\_discrete.csv” 上传到软件中，将 “Track data” 分类框中的 “line.csv” 将替换为 “rect\_discrete.csv”，将原本的 “line.csv” 拖动到 “Garbage” 分类框中，然后依次点击 “Save data” 、 “Submit! ” 。同时，我们需要将新导入的数据的绘图类型设置为 “rect\_discrete” 。最后，我们需要点击 “Circos Parameters” 面板底部的 “Go!” 按钮，告诉shinyCircos-V2.0更新相应的绘图结果。

### 3.4.3 以PDF或SVG格式下载创建的单个基因组图形

生成Circos图形后，用户可以使用 “Circos Plot” 菜单面板上方的小部件 “Download PDF-file” 和 “Download SVG-file” 下载PDF或SVG格式的绘图结果(如下图)。默认情况下，下载的两个文件分别命名为 “shinyCircos.pdf” 和 “shinyCircos.svg” 。下载的PDF文件

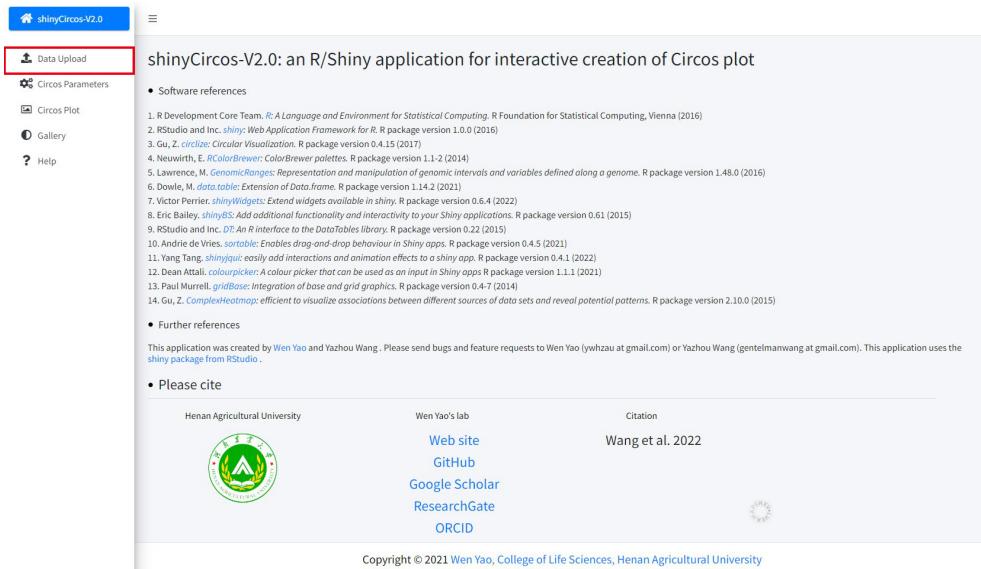
“shinyCircos.pdf” 可以在Adobe Acrobat中打开，下载的SVG文件 “shinyCircos.svg” 可以在Google Chrome浏览器中打开，我们不建议您直接右键保存图片，为了保证清晰度，我们建议您使用PDF文件存储图像然后再转换为位图。



图片下载

### 3.4.4 利用shinyCircos-V2.0绘制Circos图的完整步骤

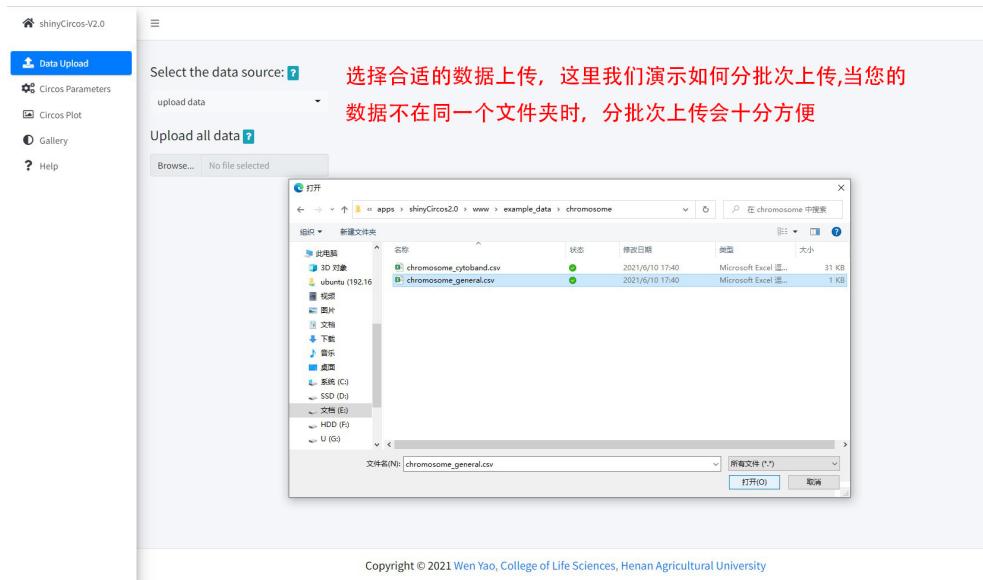
使用shinyCircos-V2.0可以创建10种不同类型的图形，包括point, line, bar, stack-line,stack-point,rect-gradient, rect-discrete, heatmap-gradient, heatmap-discrete 和 ideogram。要创建有Circos图，至少需要一个输入数据文件，即定义基因组长度的基因组数据文件，这样输出的图形只有染色体部分。在这一节中，我们将展示绘制Circos图的关键步骤（如下图）。不同的绘图类型和具体的绘图参数在此不做赘述，用户可以参考示例数据进行学习。



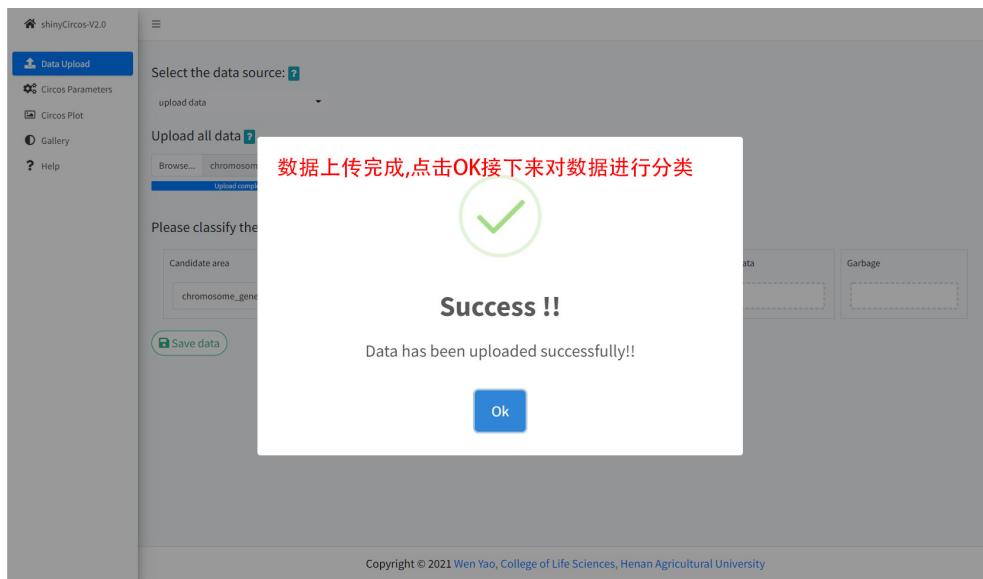
运行软件，进入“Data Upload”界面



在“Upload all data”处上传数据



## 选择要上传的数据



## 数据上传成功

shinyCircos-V2.0

Data Upload

Select the data source: ?

upload data

Upload all data ?

Browse... chromosome\_general.csv

Upload complete

Please classify the data ?

Candidate area \* Chromosome data Track data Label data Links data Garbage

chromosome\_general.csv

Save data

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

## 分发数据

shinyCircos-V2.0

Select the data source: ?

upload data

Upload all data ?

Browse... chromosome\_general.csv

Upload complete

Please classify the data ?

Candidate area \* Chromosome data Track data Label data Links data Garbage

chromosome\_general.csv

Save data

success !!

The data has been saved and you can continue adding data or click 'GO' to preview the data.

Ok

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

将数据拖动到合适的分类框后点击 “Save data”

shinyCircos-V2.0

**Data Upload**

Circos Parameters

Circos Plot

Gallery

Help

Select the data source: ?

upload data

Upload all data ?

Browse... line.csv

Upload complete

Please classify the data ?

Candidate area

\* Chromosome data

chromosome\_general.csv

Track data

line.csv

Label data

Links data

Garbage

**Save data** ➡ SUBMIT!!

按照同样的方法上传“Track data”，接下来要先点击  
击 **Save data** 保存后再点击 **SUBMIT!!**

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

## 添加“Track data”

shinyCircos-V2.0

**Circos Parameters**

Circos Plot

Gallery

Help

Chromosome data

File name ? chromosome\_general.csv

Chromosome type ? general

Track data

File name ? line.csv

Plot type ? line

Track index ? 1

Label data

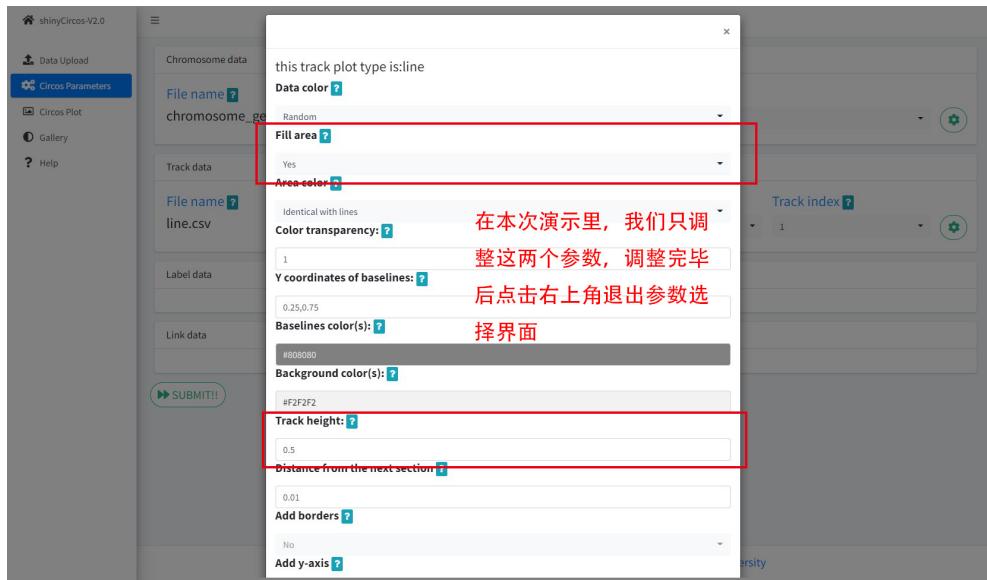
Link data

➡ SUBMIT!!

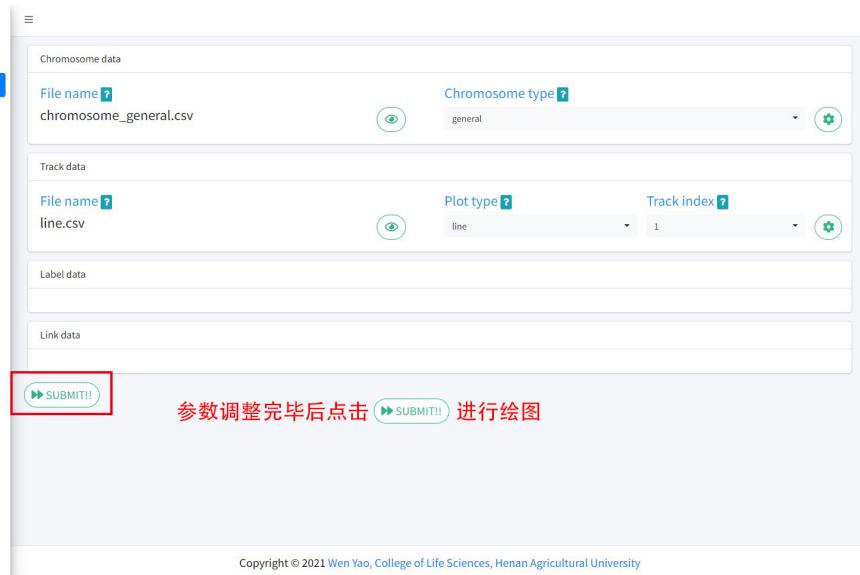
选择合适的Plot type,之后点击 **gear icon**

Copyright © 2021 Wen Yao, College of Life Sciences, Henan Agricultural University

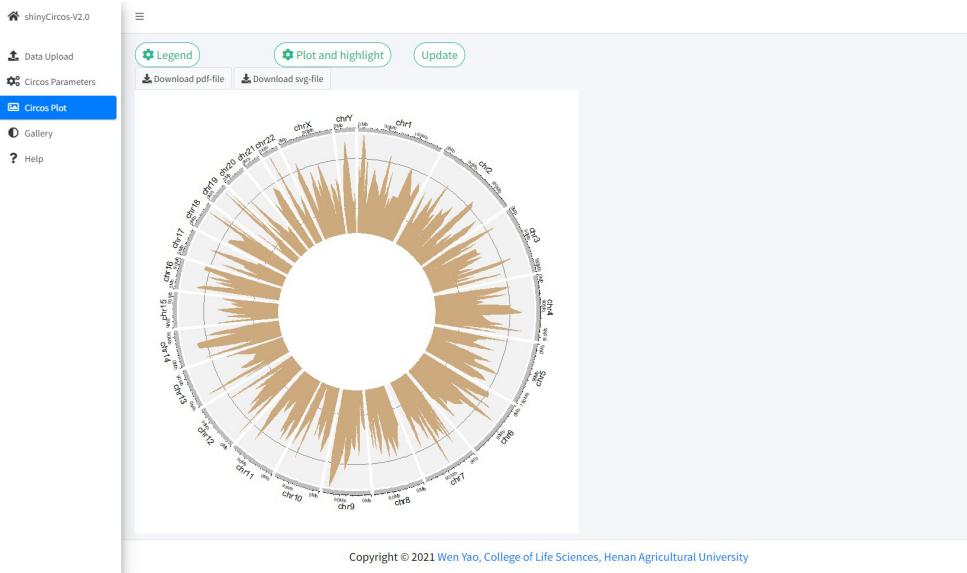
## 调整绘图类型



## 调整“Track”的部分参数



参数设置完成，点击“SUBMIT!!”按钮开始执行绘图过程



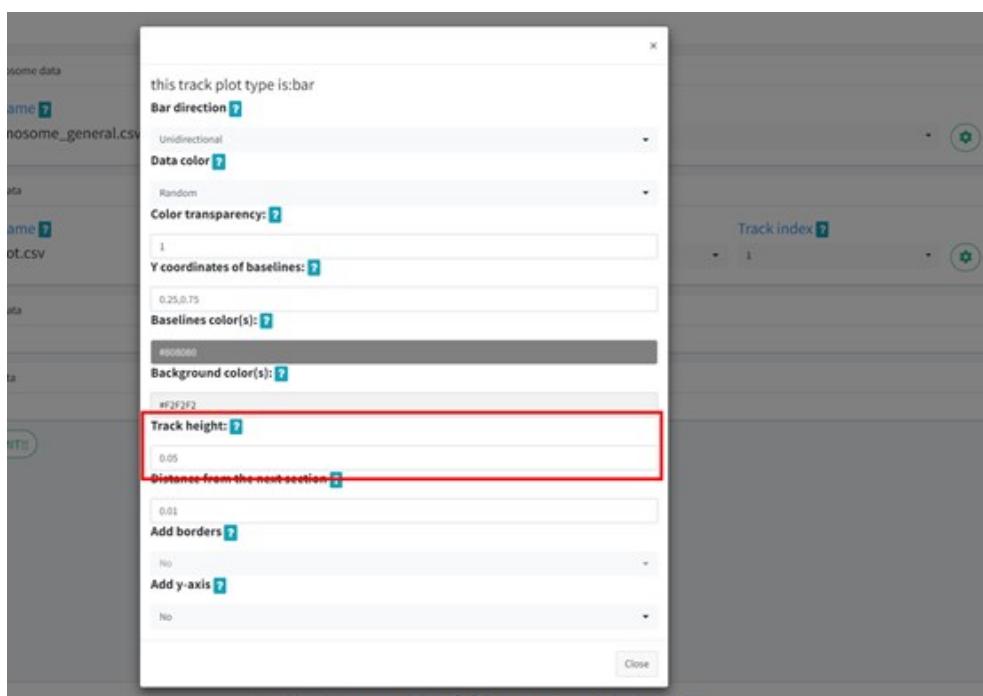
## 最终得到Circos图

### 3.4.5 修饰Circos图的绘图选项

“Circos Parameters” 菜单的每行数据的右侧小齿轮按钮，用户点击后将会弹出具体参数的提示框，用户可以进行个性化设置，比如Track的高度、间隔、各部分的颜色等等。下面将演示其中一些选项的设置。

#### 3.4.5.1 Track高度

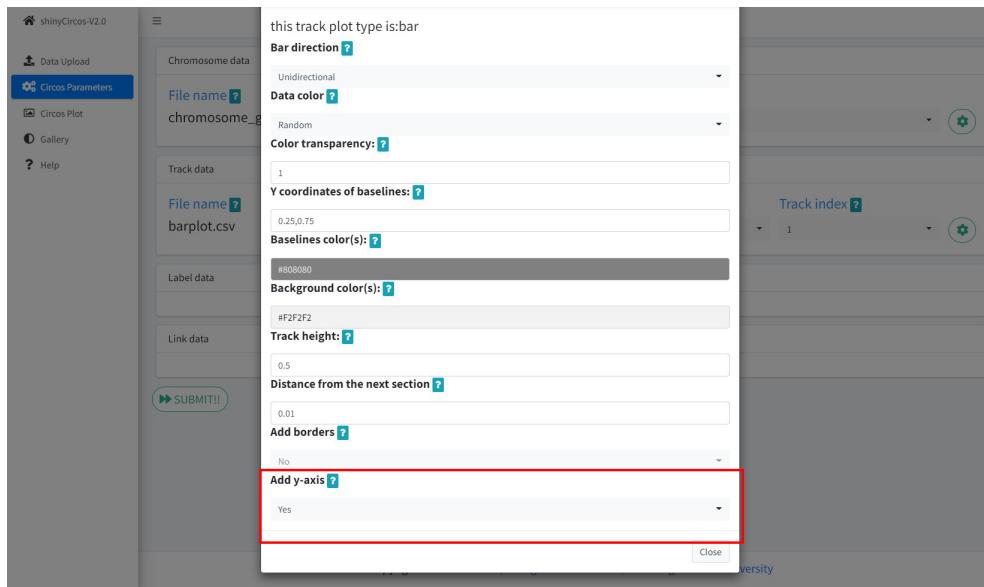
shinyCircos-V2.0的默认Track高度只有0.1，即为单位圆半径的5%，这个数值可能并不合适，所以需要用户进行调整，Track高度的调整非常简单，只需要用户点击对应Track数据后的齿轮图标，在弹出式菜单中将“Track height”进行调整即可(如下图)。



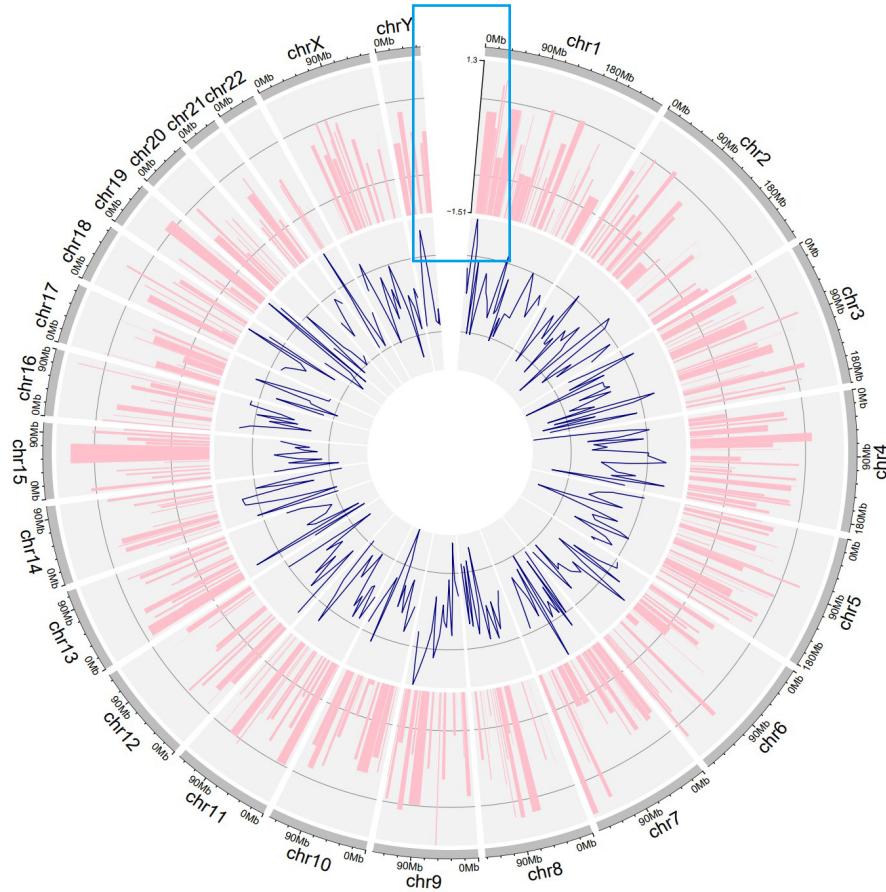
## 调整“Track”的高度

### 3.4.5.2 y坐标轴

shinyCircos-V2.0增加了在track上添加y轴的功能，这样可以显示出y轴的范围，用户可以在弹出参数框中的“Add y-axis”中选择“yes”然后更新绘图即可得到添加过y坐标轴的图像（如下图）。



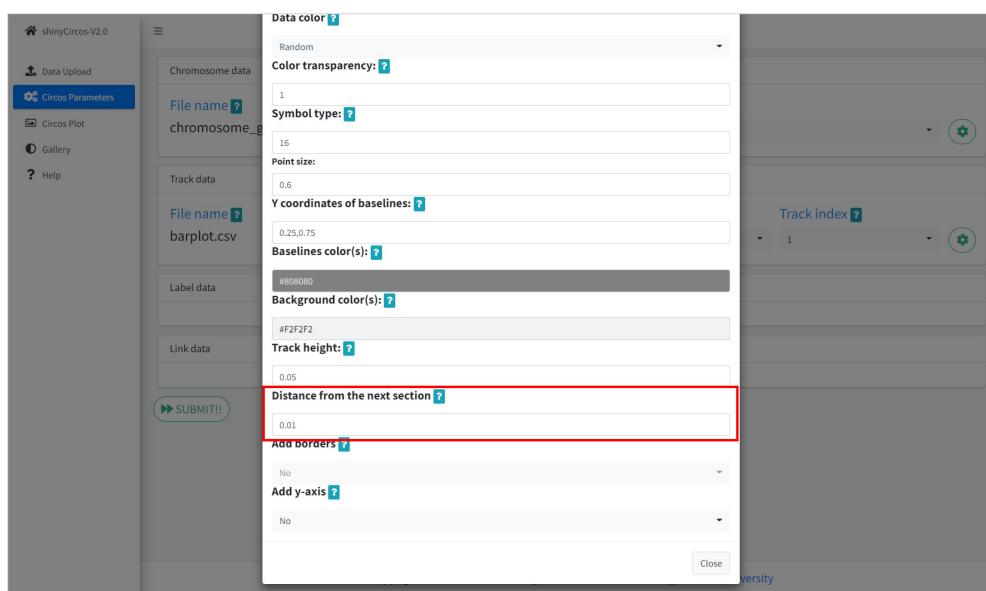
添加y坐标轴



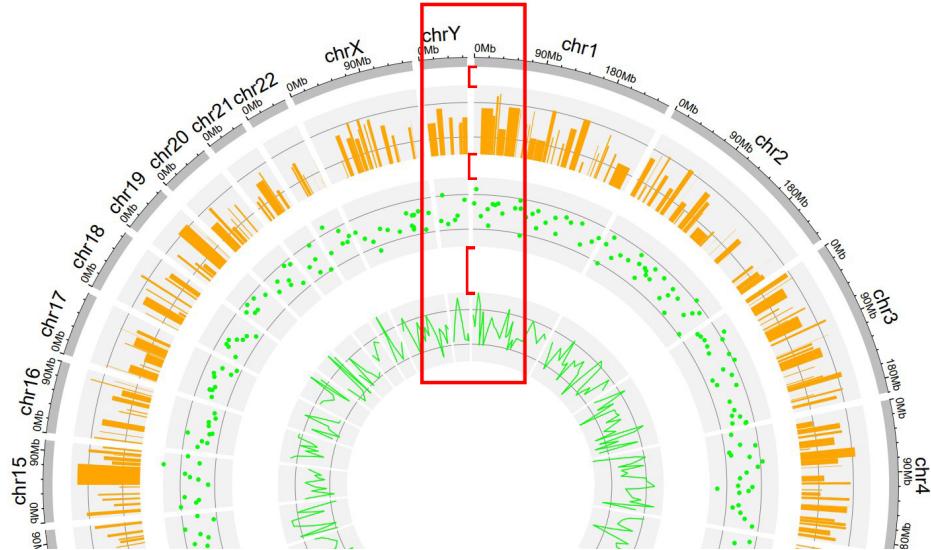
## 带有y坐标轴的Circos图

### 3.4.5.3 设置不同“Track”之间的间隔

在使用shinyCircos-V2.0的过程中，用户可以根据需要对不同track的间距进行调整，用户可以在弹出参数框中的“Distance to the next track”中输入适当数值后点击“SUBMIT!！”按钮按照当前配置绘图（如下图）。



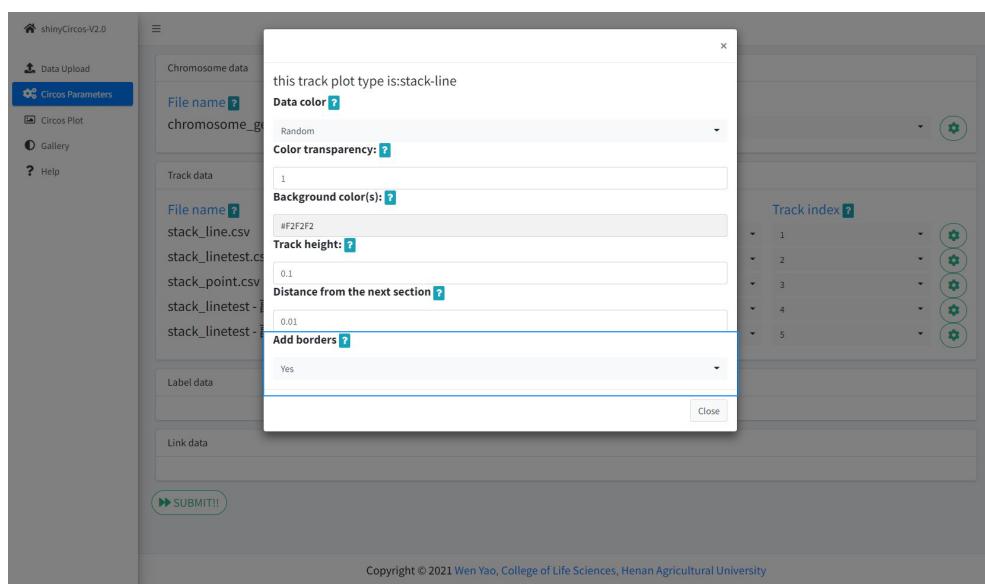
## 调整“Track”间隙



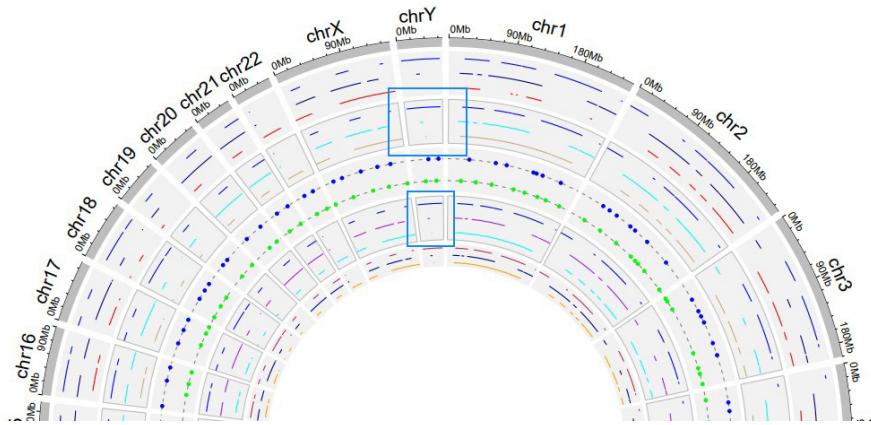
不同的track间隙

### 3.4.5.4 添加“Cell”的边框

在shinyCircos-V2.0中，用户可以给不同的“Track”添加边框，以此来强调某个“Track”，用户可以在弹出参数框中的“Add borders”中输入适当数值后点击“SUBMIT!!”按钮按照当前配置绘图（如下图）。



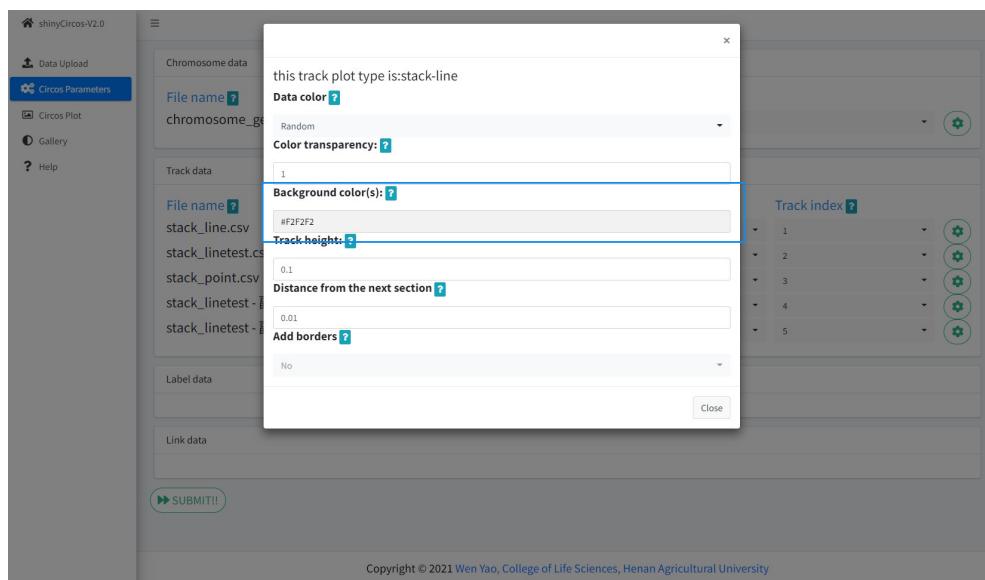
添加单元格边框



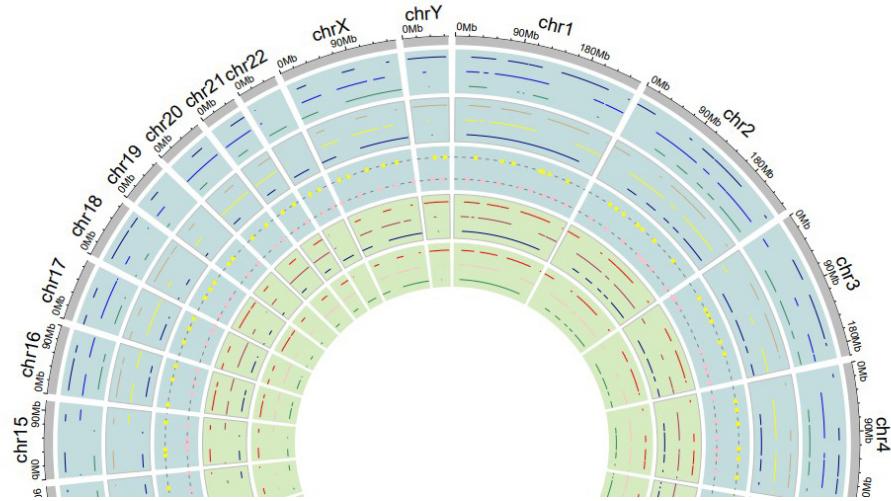
## 带有边框的 “Cell”

### 3.4.5.5 修改“Track”的背景颜色

在shinyCircos-V2.0中，用户可以调整不同的“Track”的背景颜色（部分绘图类型不支持背景颜色的调整），以此来给“Track”分组，用户可以在弹出参数框中的“Background color(s)”中选择适当的颜色或是输入适当的数值来调整“Track”的颜色，调整完毕后点击“SUBMIT!!”按钮按照当前配置绘图（如下图）。



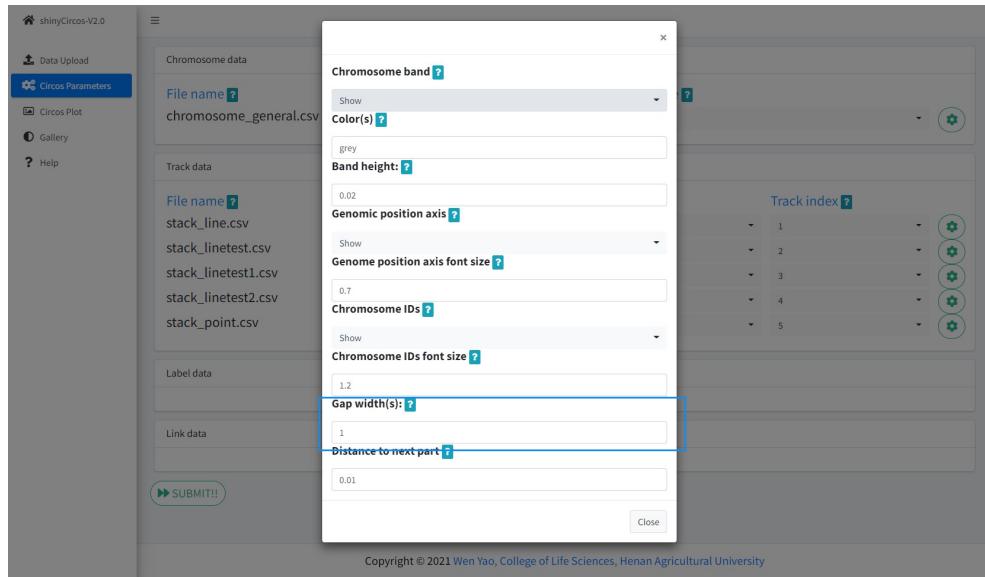
## 更改“Track”的背景颜色



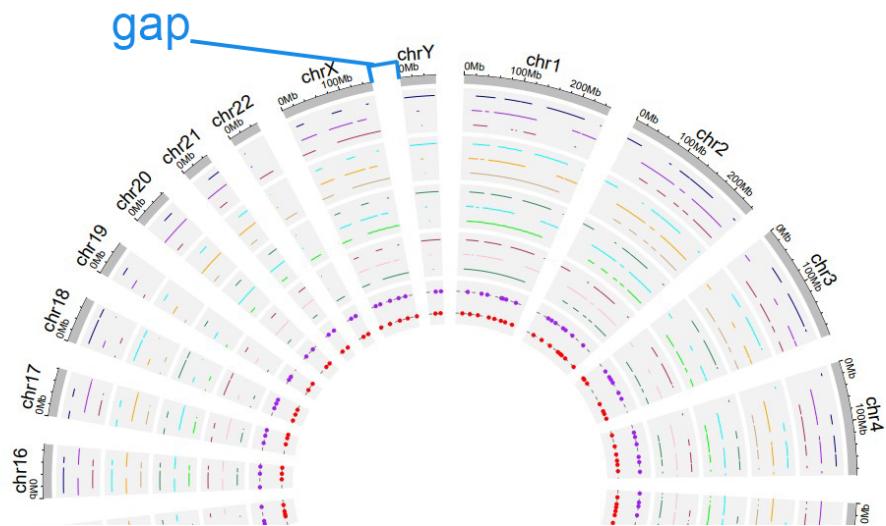
## 不同背景颜色的“Track”

### 3.4.5.6 设置不同“Sector”之间的间距

在shinyCircos-V2.0中，用户可以在染色体数据的参数调整页面调整每个“Sector”之间的间距，只需要输入数值就可以很灵活的调整每个“Sector”之间的间距，调整完毕后点击“SUBMIT!!”按钮按照当前配置绘图（如下图）。



## 调整Circos图的“Gap”宽度



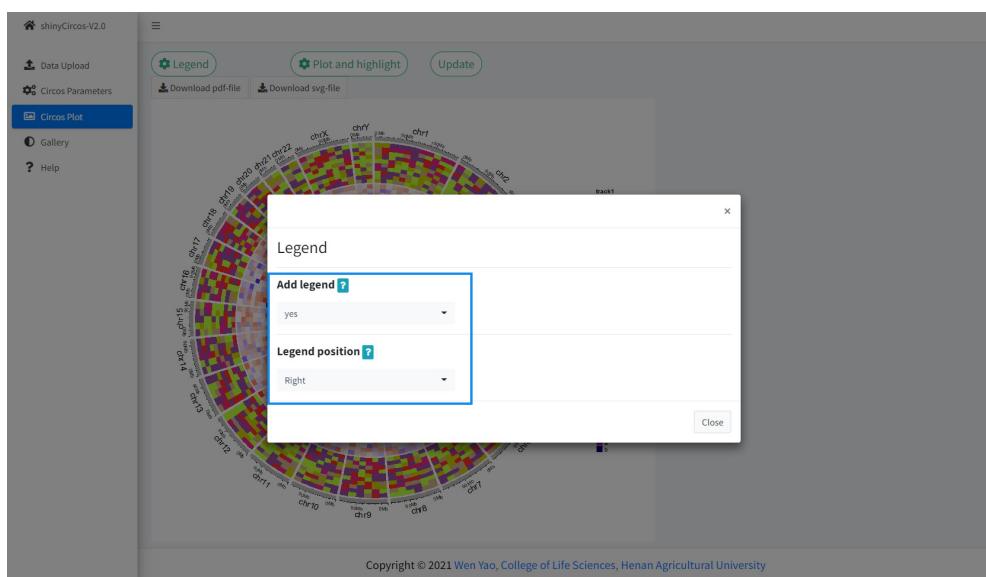
Circos图的“Gap”

### 3.5 修改Circos图的其他部分

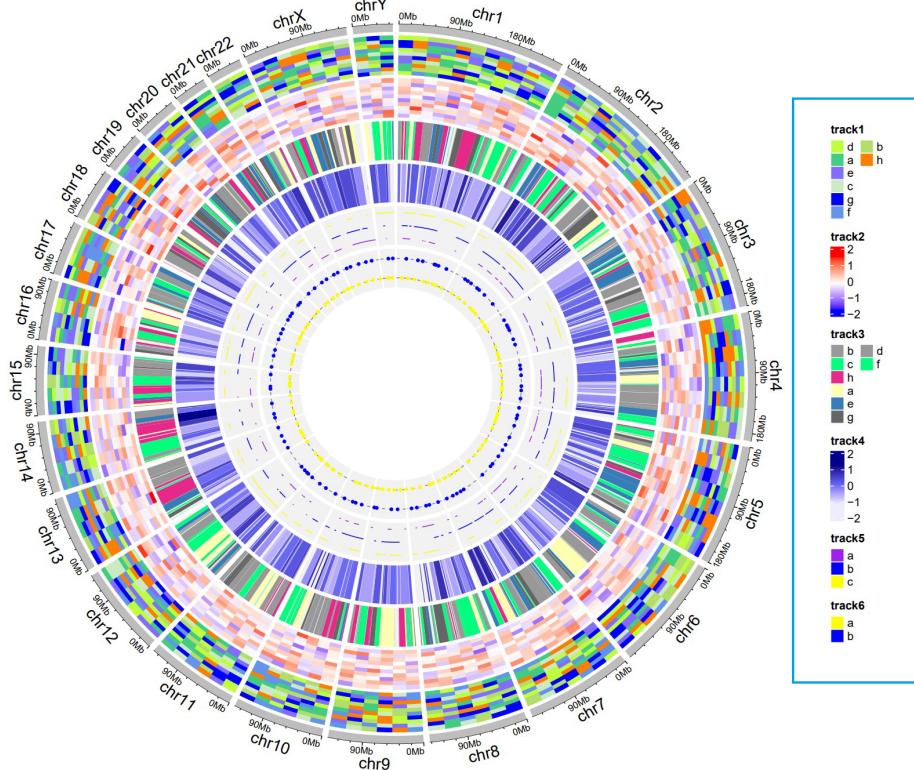
相对于旧版的shinyCircos，除了界面和使用逻辑上的改动，我们还对部分功能进行了改进，增加了部分图形图例的支持，支持了高亮区域等。

#### 3.5.1 添加图例

当用户绘制了“stack-line”、“stack-point”、“heatmap-gradient”、“heatmap-discrete”、“rect-gradient”和“rect-discrete”这六种类型的“Track”时，用户可以点击“Circos Plot”菜单的“Legend”按钮来添加图例，支持将图例绘制在Circos图的底部或右侧（见下图）。



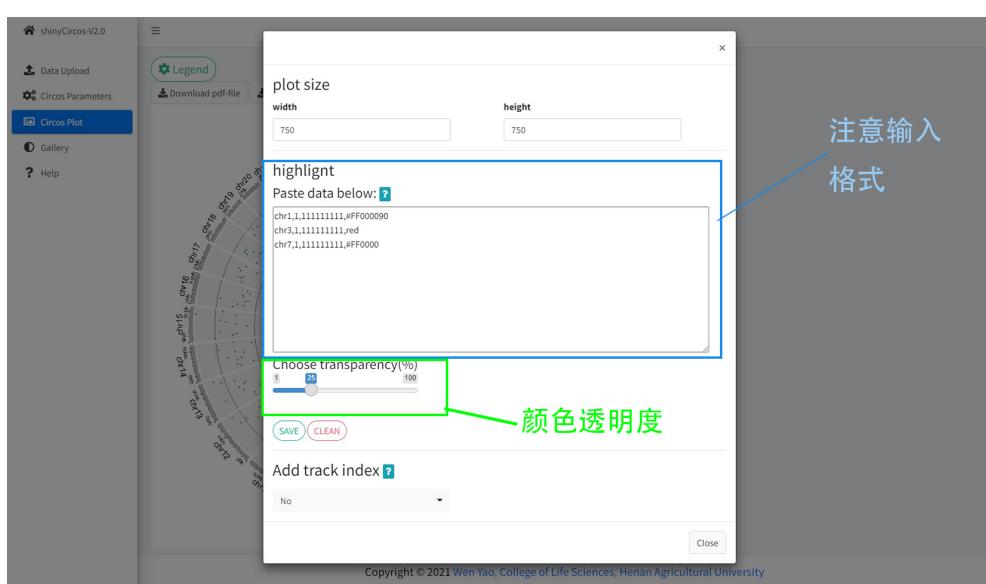
添加图例



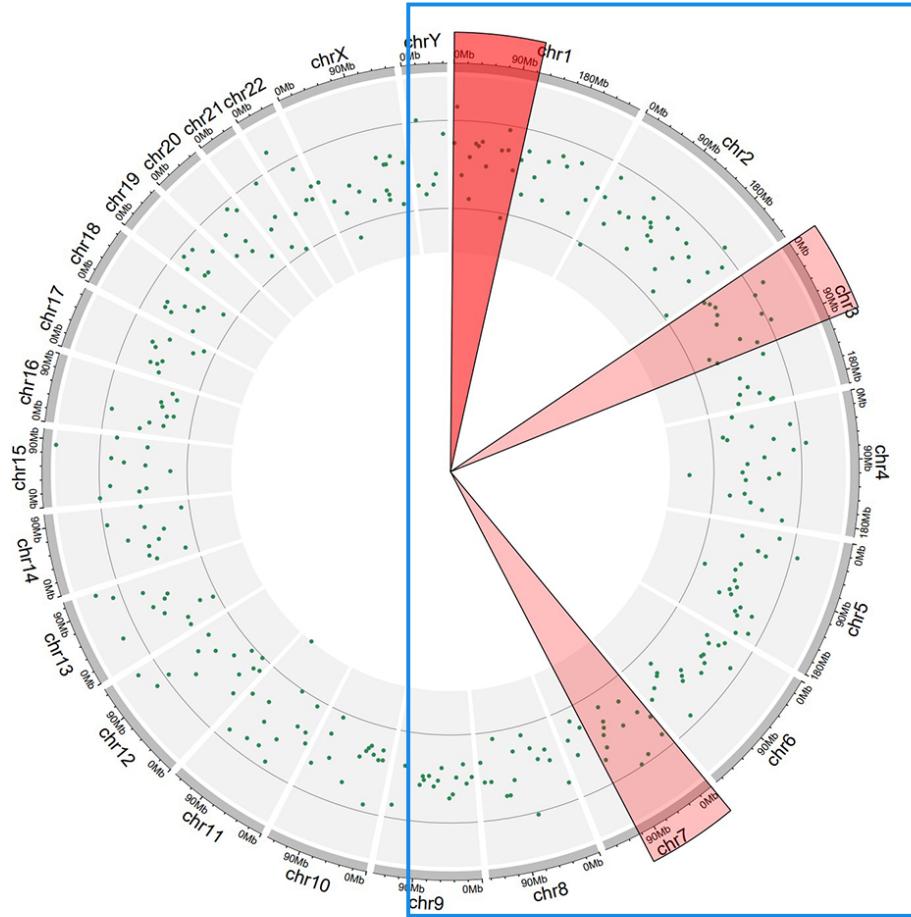
## Circos图的图例

### 3.5.2 高亮特定基因组区域

新版的shinyCircos-V2.0支持高亮部分区域，帮助用户着重显示部分区域或是分类部分“Sector”，有助于用户按照自己的需要展示自己的数据。用户可以点击“Circos Plot”菜单的“Plot and highlight”按钮来添加高亮显示区域。如图所示，支持三种颜色输入格式，当输入带有透明度的16进制颜色代码时，下方的透明度选择将不被套用。



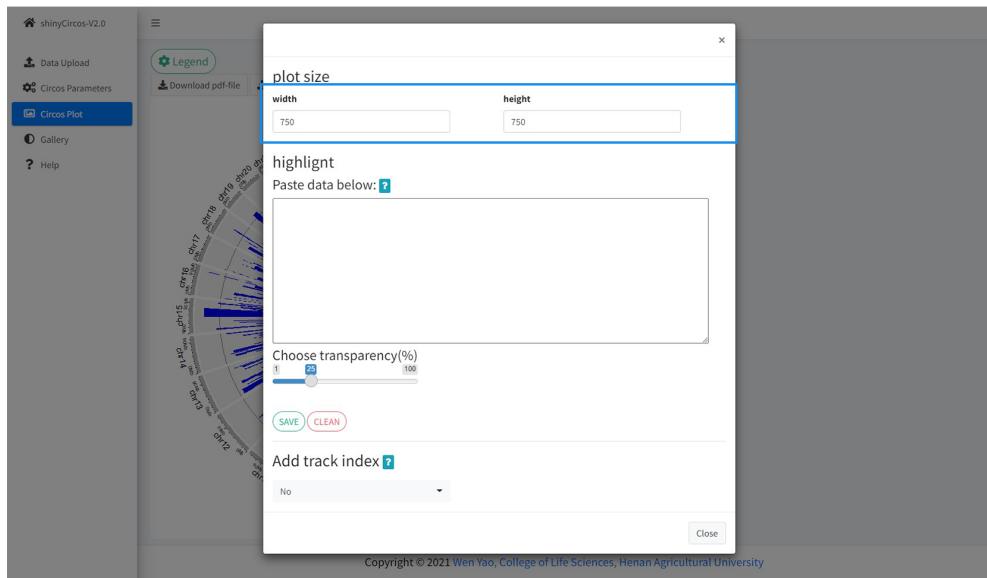
## 添加高亮区域



带有高亮区域的Circos图

### 3.5.3 调整图像大小

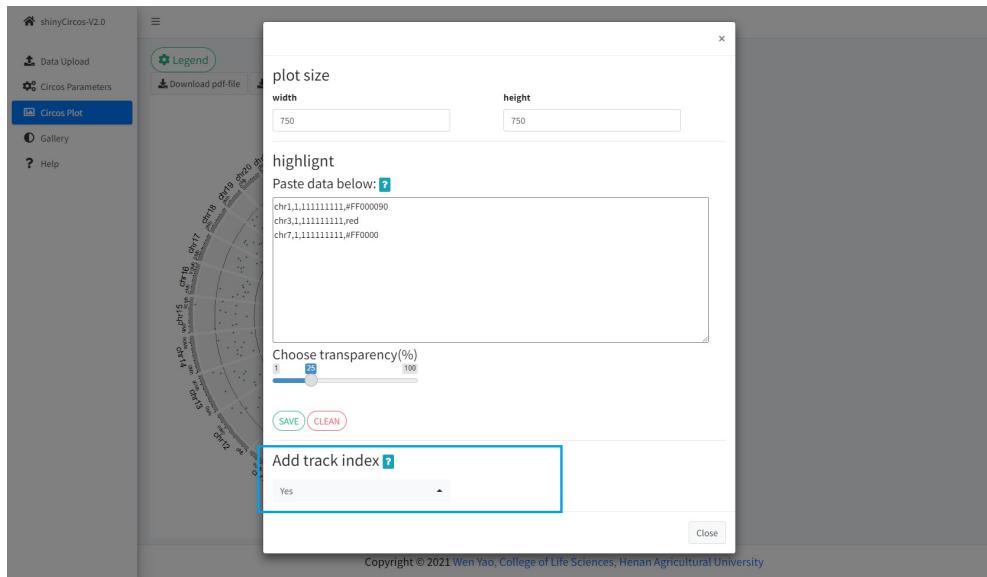
shinyCircos-V2.0支持对图像的大小进行调整，用户可以很轻松的调整图像的高和宽。 (如下图)



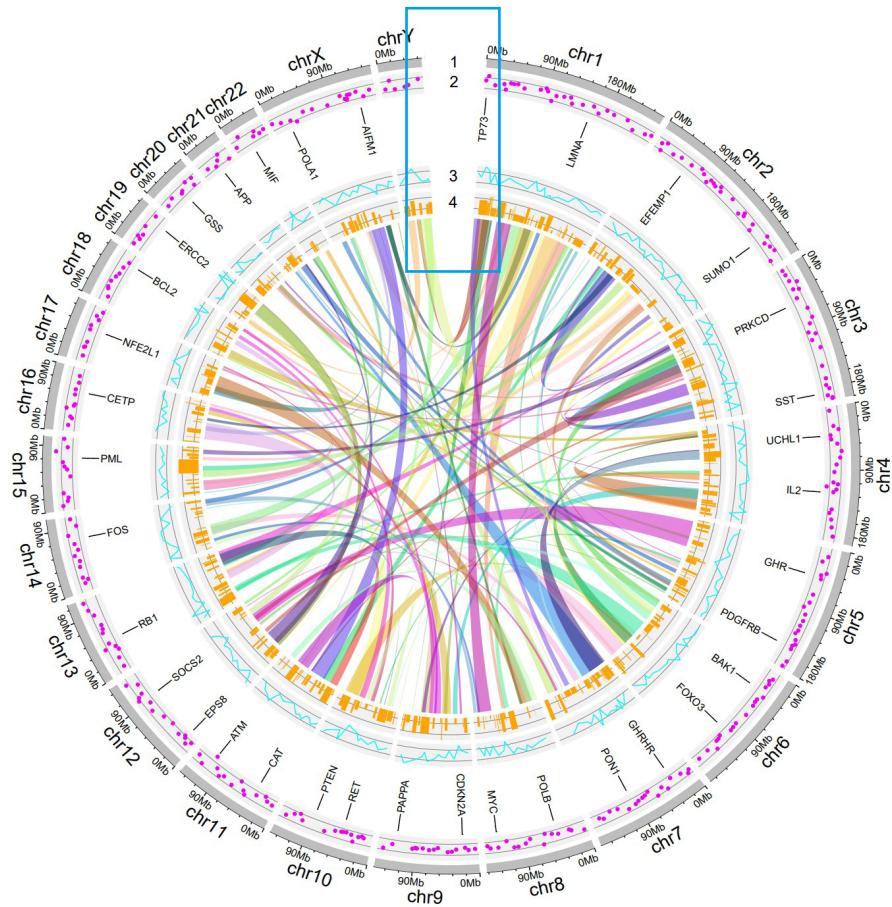
## 调整Circos图的大小

### 3.5.4 添加“Track index”

“Track index”是“Track”的索引，可以为不同的“Track”添加标号方便用户进行后续的注释。用户可以点击“Circos Plot”菜单的“Plot and highlight”按钮然后在“Add track index”处选择是否添加“Track”的索引（如下图）。



## 添加“Track index”



带有“Track index”的Circos图