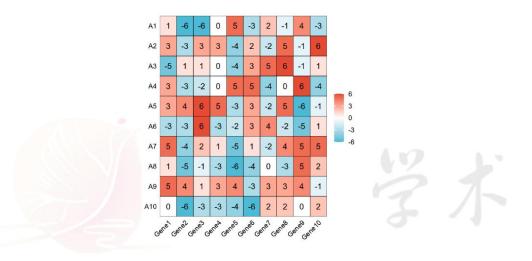


表达差异 - 热图 - 数值标注热图



网址: https://www.xiantao.love



更新时间: 2023.10.25



目录

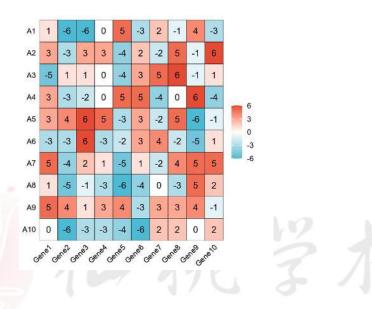
基本概念	. 3
应用场景	. 3
主要结果	. 4
数据格式	. 5
参数说明	. 6
布局	. 6
热图	. 7
标注	. 8
标题	. 9
图注	10
坐标轴	11
风格	11
图片	12
结果 <mark>说明</mark>	
主要结果	13
方 <mark>法学</mark>	14
如何引用	15
常见问题	16



基本概念

数值标注热图: 热图用颜色的变化来表示数值的大小。数值标注热图则是在 热图的基础上,直接在每个单元格上标注具体的数值,可以更直观地看到每 个单元格的具体数值。

▶ 图形构成:

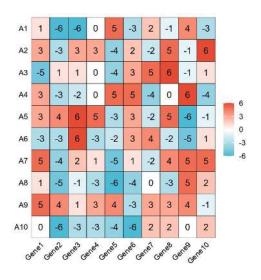


应用场景

任何需要通过颜色和数值来表示二维数据的场合,都可以使用数值标注热图。比如:展示多个基因在不同样本中的表达水平、微生物的相对丰度、代谢组不同物质的含量等等。



主要结果



- ▶ 行表示分组信息(对应上传数据第一列);列表示每一个变量(样本)
- 每一个小方格表示变量与分组之间的数值





数据格式

1	Α	В	С	D	E	F	G	Н	1	J	K
1	ID	Gene1	Gene2	Gene3	Gene4	Gene5	Gene6	Gene7	Gene8	Gene9	Gene10
2	A1	1	-6	-6	0	5	-3	2	-1	4	-3
3	A2	3	-3	3	3	-4	2	-2	5	-1	6
4	A3	-5	1	1	0	-4	3	5	6	-1	1
5	A4	3	-3	-2	0	5	5	-4	0	6	-4
6	A5	3	4	6	5	-3	3	-2	5	-6	-1
7	A6	-3	-3	6	-3	-2	3	4	-2	-5	1
8	A7	5	-4	2	1	-5	1	-2	4	5	5
9		1	-5	-1	-3	-6	-4	0	-3	5	2
10		5	4	1	3	4	-3	3	3	4	-1
11	A10	C	-6	-3	-3	-4	- 6	2	2	0	2

- ▶ 数据第1列代表分组;第2列开始直至后面每一列都代表每一个变量/样本, 都需要是数值类型数据。
- ▶ 数据至少2列(包括第1列分组信息),每列至少2行(包括第1行的变量信息)。
- ▶ 最多支持 101 列(包括第 1 列分组信息),最多 101 行(包括第 1 行的变量信息)。
- ▶ 第1列作为分组信息,第1行作为变量信息不能有重复,不能有缺失。



参数说明

(说明:标注了颜色的为常用参数。)

布局



▶ 类型:可以选择热图矩阵的类型,默认为完整热图,还可以选择上半热图(只画上半部分热图)、下半热图(只画下半热图),如下:





热图



▶ 填充颜色: 可以修改对应方块颜色

▶ 描边颜色:可以修改热图对应方块的描边颜色

▶ 描边粗细: 可以修改热图对应方块的描边粗细

▶ 不透明度: 可以修改热图对应方块的不透明度, 默认为 1, 表示完全不透明,

0 表示完全透明



标注



- ▶ 标注类型:可以选择是否在热图矩阵对应的每一个小矩形上进行标注映射, 默认完整标注,还可以选择标注约分到两位小数或无标注
- ▶ 颜色: 可以选择当进行标注映射时,标注的颜色
- ▶ 标注大小: 可以选择并修改标注的大小, 默认为 6pt



标题

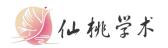


> 大标题:大标题文本

➤ X 轴标题: X 轴标题

➤ Y轴标题: Y轴标题

补充: 在要换行的中间插入\n。如果需要上标,可以用两个英文输入法下的大括号括住,比如 {{2}};如果需要下标,可以用两个英文输入法下的中括号括住,比如 [[2]]



图注

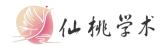


▶ 是否展示: 可以选择是否展示图注信息, 默认展示

▶ 图注标题:可以修改图注标题内容,默认没有

▶ 图注位置:可以选择右、上、下





坐标轴



> x 轴标注旋转: 可选择并修改 x 轴对应刻度文本的旋转角度



▶ 网格:可以选择是否展示网格,默认不展示

》 文字大小:控制整体文字大小,默认为 6pt



图片

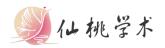


▶ 宽度: 图片横向长度,单位为 cm

▶ 高度:图片纵向长度,单位为 cm

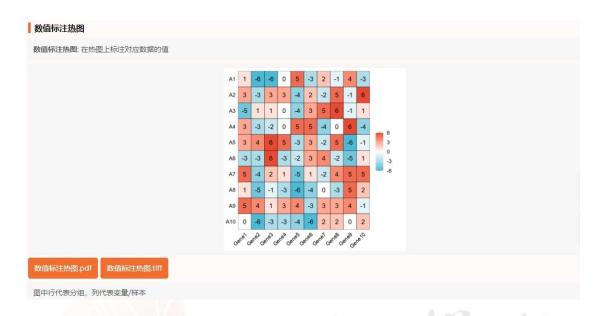
▶ 字体:可以选择图片中文字的字体





结果说明

主要结果



结果格式为图片格式,提供 PDF、TIFF 格式下载。



方法学

统计分析和可视化均在R 4.2.1 版本中进行

涉及的 R 包: ggplot2[3.3.6] 进行可视化。



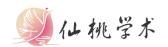


如何引用

生信工具分析和可视化用的是 R 语言,<mark>可以直接写自己用 R 来进行分析和可视化即可</mark>,可以无需引用仙桃,如果想要引用仙桃,可以在致谢部分 (Acknowledge) 致谢仙桃学术(www.xiantao.love)。

方法学部分可以参考对应说明文本中的内容以及一些文献中的描述。





常见问题

