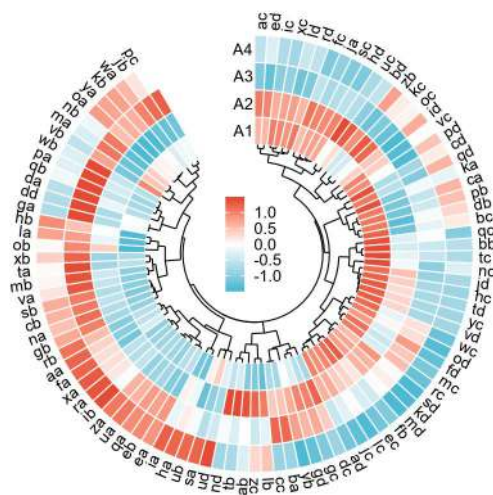


## 表达差异 - 环形数值热图



网址: <https://www.xiantao love>



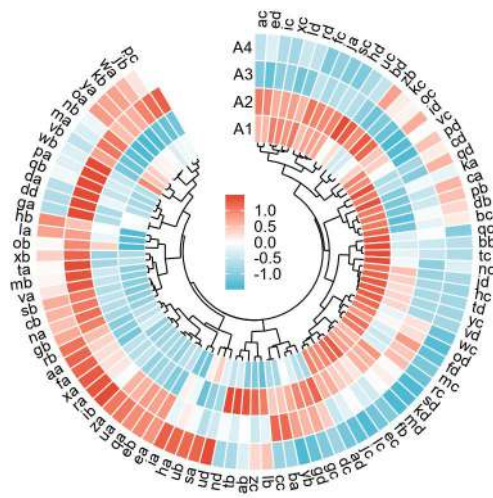
更新时间: 20230225

## 目录

基本概念 .....	3
应用场景 .....	3
结果解读 .....	4
数据格式 .....	5
参数说明 .....	6
标注 .....	6
数据处理 .....	6
样式 .....	7
聚类 .....	7
主图 .....	8
文字 .....	8
图注 .....	9
风格 .....	9
图片 .....	10
结果说明 .....	11
主要结果 .....	11
补充结果 .....	11
方法学 .....	12
如何引用 .....	13
常见问题 .....	14

## 基本概念

- 环形数值热图：热图通过色彩变化来显示数据的数值，可以用于可视化表达矩阵情况。通过极坐标转换将热图转换为环形的样式来展示。
- 图形构成：

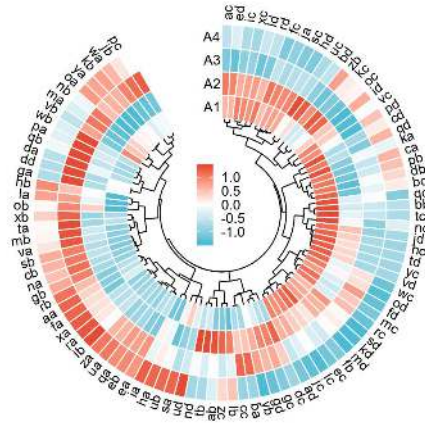


环形数值热图

## 应用场景

热图经常用于展示多个基因在不同样本中的表达水平，然后可以通过聚类等方式查看不同组（如疾病组和对照组）特有的 pattern（如 CNV）。另外，热图还可以用于展示微生物的相对丰度、代谢组不同物质的含量等等。

## 结果解读



环形数值热图

- 图的最主要部分展示的是环形热图，图中的环形热图占了 0-330 度的圆的部分
  - 热图部分的数值经过了 zscore 转换后的值的情况
  - zscore 转换是绘制热图中常用的一种对数据进行转换的方法（每个值减去行均值后，再除以标准差），可以减少值差异过大而影响整个热图的可视化效果，并且 zscore 转换保留了值在行的差异情况（如果有一个值在样本间很大，另外一个在样本间很小，可以想象到上一个的热图基本都是红色，另外一个基本都是蓝色，另外的一些值样本间的差异就很小，很难看出差异的效果）
  - 如果不想要进行 zscore 转换，仅使用原始的值，可以在参数中进行调整
- 环形热图的最外圈标注的是上传数据的行名
- 环形热图的最内圈部分可视化了按行聚类后的聚类树状图情况，聚类后行名会根据聚类后的情况进行重新排序，不再是上传数据的行的顺序，如果要保留行的顺序，需要不对行进行聚类。
- 环形热图的最中心放上了 legend

## 数据格式

	A	B	C	D	E	
1	label	A1	A2	A3	A4	
2	aa	0.312416361	0.180770543	0.60300246	0.872327143	
3	ba	0.078874891	1.136588442	1.745908944	0.001205518	
4	ca	1.14733452	0.258700192	0.505631562	0.958017128	
5	da	0.034265616	0.375338662	1.547978235	0.060025775	
6	ea	0.163428054	-0.198876072	1.175342537	1.172025339	
7	fa	-0.256720434	-0.744345345	0.119447093	0.708763969	
8	ga	0.366100213	-0.033180791	1.278165107	-0.044221609	
9	ha	-0.760133642	0.244370921	0.505948941	1.522813178	
10	ia	-0.51533031	0.348539036	0.151149104	1.139816895	
11	ja	0.994346662	1.07998928	0.471465566	0.409398082	
12	ka	0.569972916	-0.197906514	0.098885538	0.068766703	
13	la	-0.52216547	0.027795531	0.49571999	0.482000313	
14	ma	0.930385441	0.344871808	1.146606463	0.657358488	
15	na	-0.218204486	0.032274545	1.64341402	1.079366703	
16	oa	1.061740831	-0.092598248	1.361293844	1.580875773	
17	pa	-0.100018542	0.229931422	1.571557641	0.303405846	
18	qa	0.737886077	0.804097021	1.611674408	1.668679728	
19	ra	-0.120214106	0.006169066	0.583421885	1.362590676	
20	sa	1.128362431	0.317710012	0.5078646	1.630172136	表

基因表达矩阵

- 至少 2 列数据，第 1 列为 ID，第 2 列以及以后为数值类型。数据行数和列数不易过多，也不利于展示
- 表格中的元素个数不能超过 2000（行数\*列数）[过多的行数或者列数是不适合于用环形热图来展示的，可以考量用复杂热图模块进行可视化]
- 如果纳入了缺失数据，则会在图中以灰色的格子来表示

## 参数说明

(说明：标注了颜色的为常用参数。)

## 标注



- 分子标注：可以填入数据中对应行名(分子名)，一行一个分子，如果为空，默认就标注数据中所有行名(分子)

## 数据处理



- 转换：可以对数据进行 log2 或者 log10 等转换
- 归一化：可以选择对行或列进行归一化

## 样式



- 圆圈角度范围：可以调节圈图的角度范围

## 聚类



- 列聚类：可以选择对列进行聚类分析，可以选择不同距离计算方法
- 线粗细：调节聚类线条的粗细

## 主图



主图

色阶 ▼ ▼

描边颜色

描边粗细 0.50pt ▼

- 色阶：热图块的颜色
- 描边颜色：色块描边颜色
- 描边粗细：描边的粗细

## 文字



文字

标题

列名大小 6pt ▼

行名大小 6pt ▼

如果行数过多，建议改小或者是改成标注少数几个行名的方式

- 标题：填入热图的标题，换行可以在需要换行的位置插入\n
- 列名大小：调节列名的大小或者不显示
- 行名大小：同列名大小



## 图注

图注

是否展示

☒

图注标题

图注标题内容

图注位置

默认

图注方向

默认

- 是否展示：图注内容是否展示
- 图注标题：可以填入图注标题，换行可以在需要换行的位置插入\n
- 图注位置：默认是右，也可以选上/下/左上/左下等
- 图注方向：横向或者纵向

## 风格

风格

文字大小

7pt

- 文字大小：默认是 7pt

## 图片

图片

▼

宽度 (cm)

8

高度 (cm)

8

字体

Arial

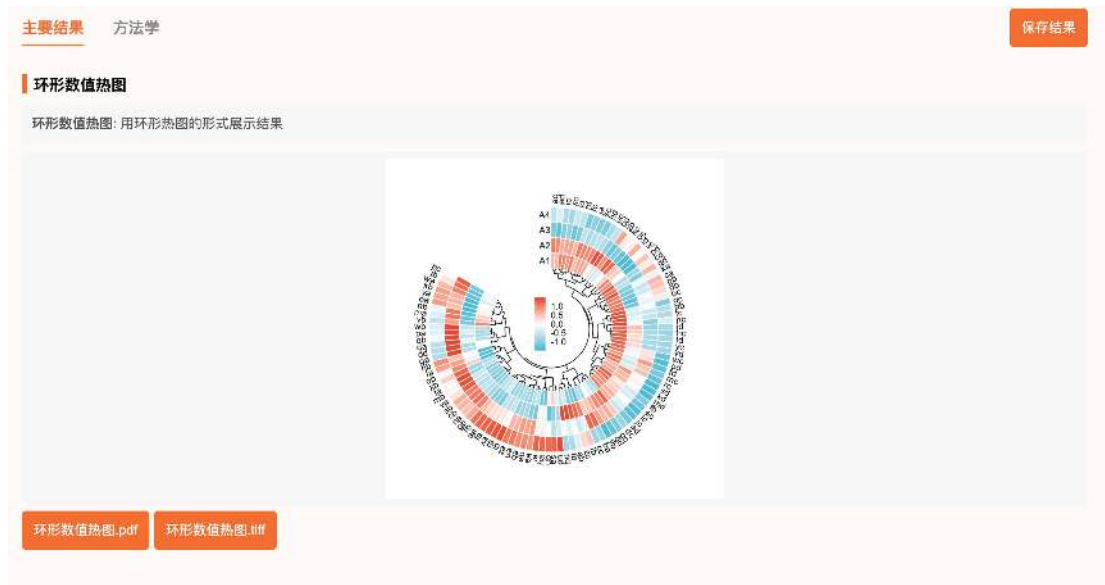
▼

- 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：可以选择图中文本内容字体



## 结果说明

## 主要结果



## 补充结果

无

## 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 包



## 如何引用

生信工具分析和可视化用的是 R 语言，可以直接写自己用 R 来进行分析和可视化即可，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](http://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

### 1. 为什么要对数据进行转换?

答：实际应用中，异常值的出现可能会影响可视化结果，对数转换后的数据，看起来清晰很多，也会有更好的可视化效果。而且对数转换后，数据还保留着之前的变化趋势

### 2. 行名太长了，图展示不全如何解决?

答：单独增加图片的长度即可解决。

