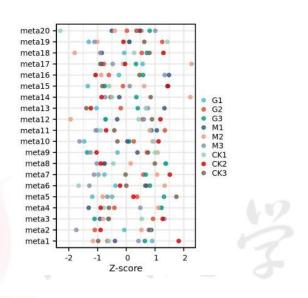


基础绘图 - Z-score 点图



网址: https://www.xiantao.love



更新时间: 2023.12.01



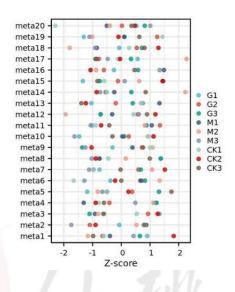
目录

基本概念
应用场景
主要结果
数据格式
参数说明
点
标题
图注
坐标轴
风格
图片 10
结果说明
主要结果
方法学
如何引用
常见问题



基本概念

- Z-score 点图: 通过 (x-μ) /σ将数据转化为无单位的 Z-Score 分值来展示数据 分布情况。
- ▶ 图形构成:

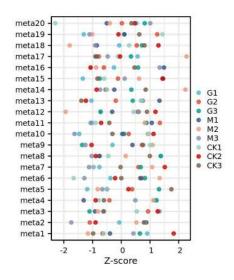


应用场景

- ▶ 比较不同样本: 想要比较不同样本或群体的数据分布时, Z-score 点图可以帮助你清晰地看出它们相对于各自平均值的偏离程度, 从而进行直观的比较。
- ▶ 趋势分析:通过绘制时间序列数据的 Z-score 点图,你可以观察到数据值的变化情况,以及是否存在明显的偏离趋势。
- ► 标准化: 在某些情况下, Z-score 点图也可以用于将不同尺度或量纲的数据标准化, 使得它们具有可比性。



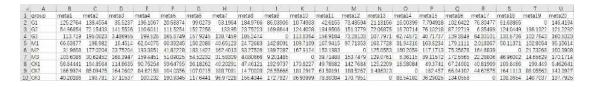
主要结果



- ▶ 图中 x 轴为分子名称(基因、蛋白、代谢物等), y 轴为 Z 值 (结果为默认 转置之后的图形)。
- 不同颜色的点表示不同样本/分组。



数据格式



- ▶ 数据第1列代表样本/分组;第2列开始直至后面每一列都代表一个分子(可以是基因、蛋白、代谢物等),都需要是数值类型数据。
- ▶ 数据至少3列(包括第1列分组信息),每列至少3行(包括第1行的分子信息)。
- ▶ 最多支持 101 列(包括第1列分组信息),最多 101 行(包括第1行的分子信息)。
- ▶ 第1列作为样本/分组信息,第1行作为分子信息不能有重复,不能有缺失。
- ▶ 每列数据不能是同一个值(一个值无法得到 Z 值)。



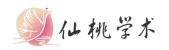
参数说明

(说明: 标注了颜色的为常用参数。)

点



- ▶ 填充色: 点的填充色颜色选项,有多少个分组会提取多少个颜色,最多支持修改 10 个颜色。受配色方案全局性修改。
- ▶ 描边色:点的描边色颜色选项,有多少个分组会提取多少个颜色,最多支持修改 10 个颜色。受配色方案全局性修改。
- 样式:点的样式类型,取决于形状映射参数所选择的内容,可选择圆形、 正方形、菱形、三角形、倒三角。单选。
- ▶ 大小:点的大小。
- ▶ 不透明度:点的透明度。1 为完全不透明。



标题



▶ 大标题: 大标题内容

➤ X 轴标题: X 轴标题内容

➤ Y轴标题: Y轴标题内容

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

▶ 图注位置:可以选择右、上





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

风格



▶ 边框:是否添加外框,默认添加

网格:可以选择是否展示网格,默认展示

> xy 颠倒: 可以颠倒 xy 轴, 默认颠倒

》 文字大小:控制整体文字大小,默认为 7pt



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

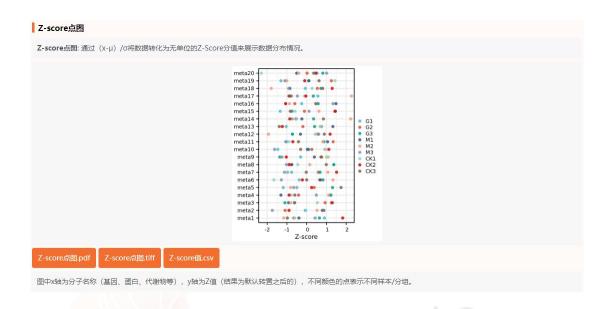
> 字体:可以选择图片中文字的字体



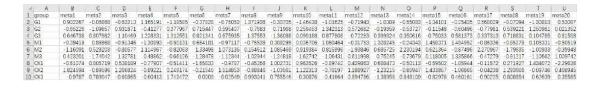


结果说明

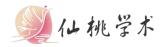
主要结果



结果格式为图片格式,提供 PDF、TIFF 格式下载。



另外,提供 Z 值结果表格 csv 下载。



方法学

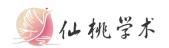
统计分析和可视化均在R 4.2.1 版本中进行

涉及的 R 包: ggplot2[3.3.6] 进行可视化。

处理过程:清洗数据后对列数据进行 Z-score 计算,然后使用 ggplot2 包进行可

视化。



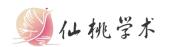


如何引用

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

1. 想要按照分组信息画图怎么办?

答:上传数据第1列允许重复,因此在第1列输入分组信息即可,图中点的颜色会按照分组信息绘制。

