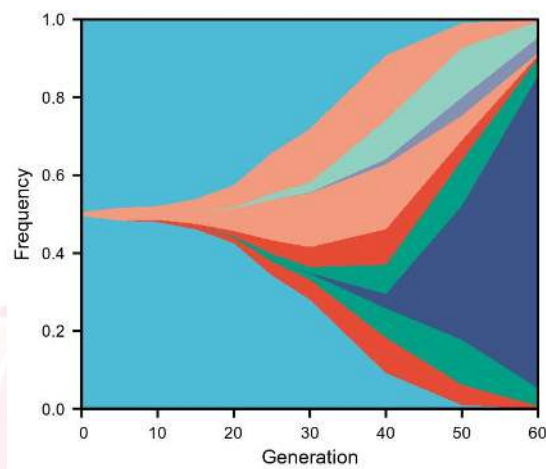


基础绘图- 其他 - 演化图



网址: <https://www.xiantao love>



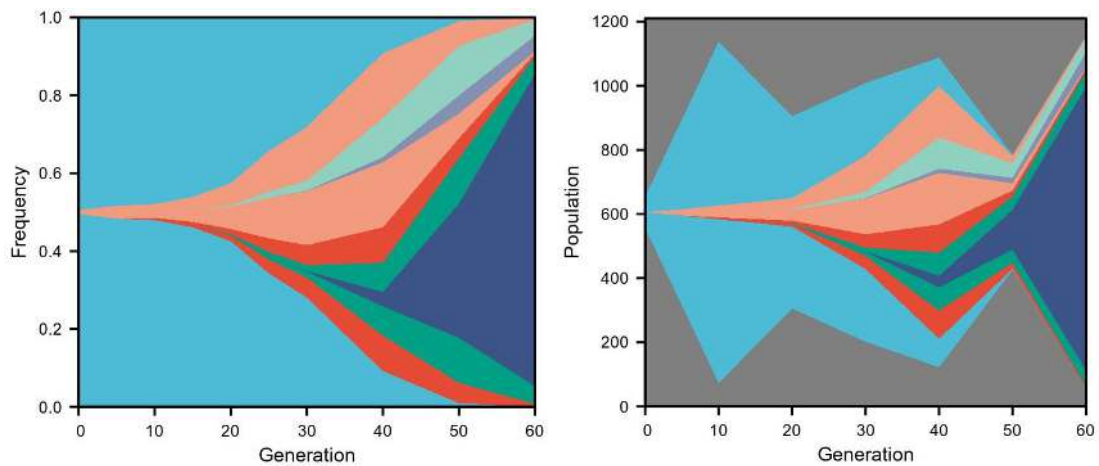
更新时间: 2023.11.17

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	7
映射	7
主图	8
标题	9
图注	10
风格	11
图片	11
结果说明	12
主要结果	12
方法学	13
如何引用	14
常见问题	15

基本概念

- 演化图: 可以用来进行种群进化, 肿瘤发展等演化类图可视化展示。
- 图形构成:

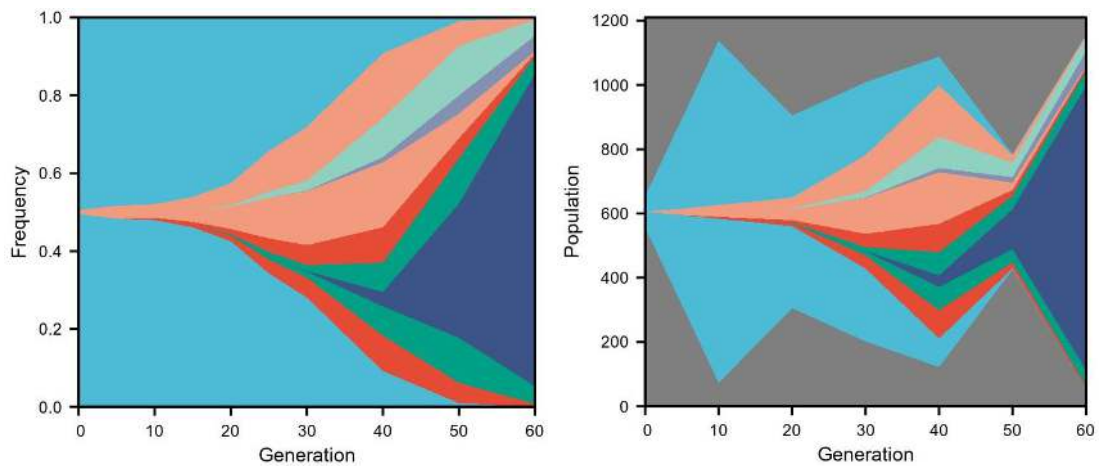


应用场景

演化图有许多应用场景。例如:

- 医学研究: 在研究疾病传播、病原体演化以及药物抗性的形成过程时, 演化图可以用来展示病毒株或细菌株之间的进化关系, 帮助科研人员理解疾病的传播路径和变异情况。
- 生态学: 用于研究不同物种之间的亲缘关系, 以及它们在地理空间和时间尺度上的演化历史。这有助于我们理解生态系统的形成和变化过程。
-

主要结果



- 图中水平轴用于展示演变时间
- 主图类型为频率图时：垂直轴高度表示对应于相应时间点的基因型（或其他）频率，后代的基因型显示从分支中出现
- 主图类型为种群图时：垂直轴高度表示对应于相应时间点群体规模变化

数据格式

	A	B	C		A	B	C	D
1	Parent	Identity		1	Generatio	Identity	Populatio	Fitness
2	1	2		2	0	1	99.0099	1
3	1	3		3	10	1	1022.218	1
4	2	4		4	20	1	510.5531	1
5	2	5		5	30	1	453.4856	1
6	3	6		6	40	1	177.4868	1
7	6	7		7	50	1	6.848271	1
8				8	60	1	0.543166	1
9				9	0	2	0.990099	2
10				10	10	2	37.5082	2
11				11	20	2	68.73953	2
12				12	30	2	224.033	2
13				13	40	2	321.7343	2
14				14	50	2	45.5507	2
15				15	60	2	13.25653	2

- 两个 sheet。
- 第一个 sheet 是进化关系邻接表：
 - 列数必须是 2 列，至少需要 1 行（除列名）
 - 最多支持 500 行（除列名）
 - 列顺序必须是“Parent”，“Identity”。若验证数据时返回报错，需要在上传数据内进行相应的调整，然后再上传数据。
- 第二个 sheet 是时间频率表：
 - 至少 3 列（可以没 Fitness），至少需要 2 行（除列名）
 - 最多支持 4 列，5000 行（除列名）
 - 列名不可以有“Parent”
 - 如果 3 列，列顺序必须是 “Generation”（或“Time”），“Identity”，“Population”

- 如果 4 列，列顺序必须是 “Generation”（或 “Time”）， “Identity”， “Population”， “Fitness”
- 其中 Generation”（或 “Time”）， “Population”， “Fitness” 列必须是数值类型。若验证数据时返回报错，需要在上传数据内进行相应的调整，然后再上传数据。



参数说明

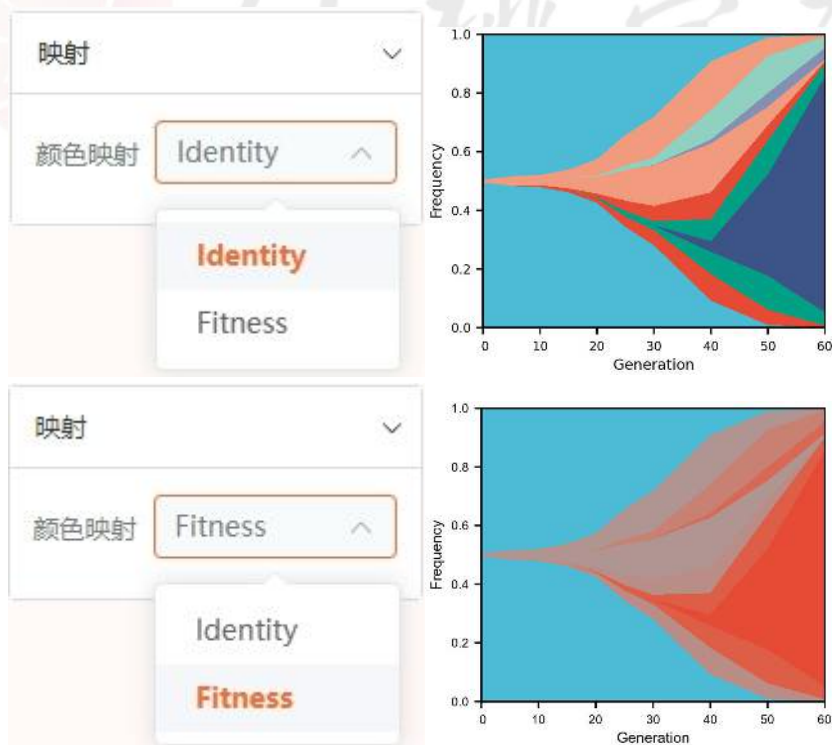
(说明：标注了颜色的为常用参数。)

映射

映射

颜色映射 Identity

- 颜色映射：可以选择颜色映射的类型，默认为 Identity，如果上传数据的时间频率表有 Fitness 时也可选择 Fitness 做颜色映射，如下：



主图

主图

类型: 频率图

筛选阈值: 0

填充色: [Color Selection Grid]

描边色: [Color Selection Grid]

描边粗细: 0.00pt

不透明度: 1

- **类型**: 可选择频率图和种群图。默认频率图
- **筛选阈值**: 用来排除稀有性。可设置 0-1 之间（不包括 1）的数字，默认 0 代表不筛选，不建议选择太大的数值。数值过大筛选后没有数据时，会默认 0 不做筛选。
- **填充色**: 可以修改演化图对应映射的填充颜色
- **描边色**: 可以修改演化图对应映射的描边颜色
- **描边粗细**: 可以修改演化图对应映射的描边粗细。默认 0pt 即没有描边
- **不透明度**: 可以修改演化图的不透明度，默认为 1，表示完全不透明

标题

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

- 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

图注

是否展示

☐

图注标题

图注标题内容

图注位置

默认

- 是否展示：可以选择是否展示图注信息，默认不展示
- 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



风格



- 边框：可以选择是否展示边框，默认展示
- 文字大小：控制整体文字大小，默认为 6pt

图片



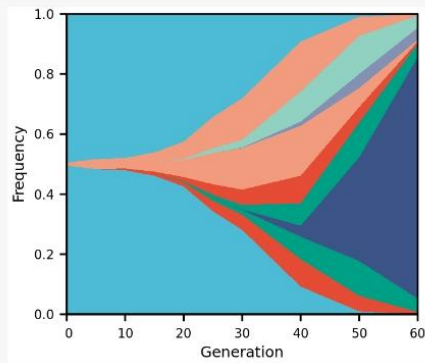
- 宽度：图片横向长度，单位为 cm
- 高度：图片纵向长度，单位为 cm
- 字体：可以选择图片中文字的字体

结果说明

主要结果

演化图

演化图: 可以用来进行种群进化, 肿瘤发展等演化类图可视化展示



演化图.pdf

演化图.tiff

图中水平轴用于展示演变时间

主图类型为频率图时: 垂直轴高度表示对应于相应时间点的基因型(或其他)频率, 后代的基因型显示从分支中出现

主图类型为种群图时: 垂直轴高度表示对应于相应时间点群体规模变化

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：ggmuller[0.5.5]整合数据，ggplot2[3.3.6] 进行可视化。

处理过程：

- (1) 将清洗后的数据，通过 ggmuller 包对进化关系邻接表和时间频率表进行整合
- (2) 使用 ggplot2 包对结果进行可视化。



如何引用

生信工具分析和可视化用的是 R 语言，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)。

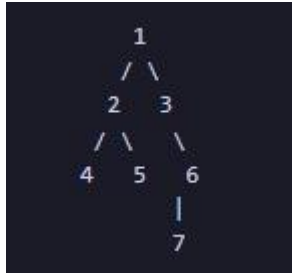
方法学部分可以参考对应说明文本中的内容以及一些文献中的描述。



常见问题

1. 不知道如何整理演化图模块输入数据或数据验证环节总是失败？

答：示例数据中的进化关系邻接表的进化关系见下图。根据自己数据可参考进行整理。



时间频率表的“Identity” 这一列应该包含进化关系邻接表所涉及的所有物种或基因型（如示例数据 1，2，3，4，5，6，7）在不同时间点上的情况。

