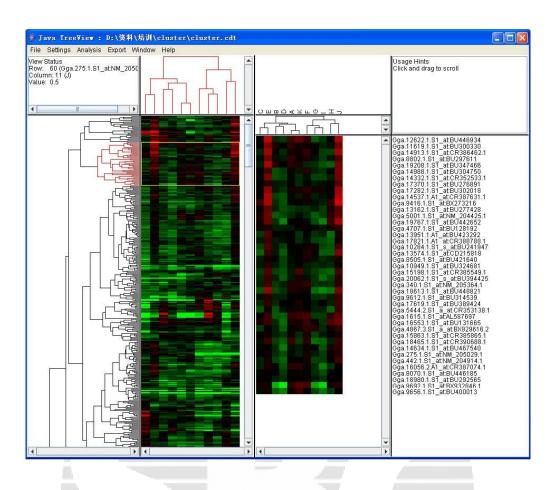


# Java Tree view 软件安装和使用说明



Java Tree view 软件是一个基于 JAVA 平台,用于展示和调整聚类热图的应用软件。利用该软件可以读取由伯豪在线分析系统(SAS 系统)生成的聚类热图文件,以及其他单机聚类软件如,Cluster3.0、Gene Cluster2.0 和 R-software 生成的聚类热图文件。

在上海伯豪提供的项目数据光盘中,包含了安装和运行 Java tree view 所需的两个软件,一个是 TreeView 软件(winrar 压缩包, 无需安装), 另一个是 Java 运行平台, 如图 1:

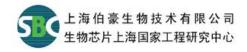


图 1 安装和运行 Jave tree view 所需的两个软件。

如果您的电脑中已经安装了 Java 软件,可以直接运行 Treeview 软件,请参阅"二、Treeview 软件的运行"。

地址: 上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203) 技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086 电话: 021-51320288

传真: 021-51320266



## 一、Java 软件的安装

- ◆ 此部分说明以 Windows Vista 操作系统为例,其他操作系统的界面可能会有不同。
- 1、运行 Java 软件安装包,根据您所用的操作系统不同, Windows 7 和 Windows Vista 会弹出一个安全警告窗口,如图 2,请选择继续:



图 2 Windows 7 和 Windows Vista 操作系统会弹出安全警告窗口,请选择"继续"。

2、软件将启动安装界面,如图 3:

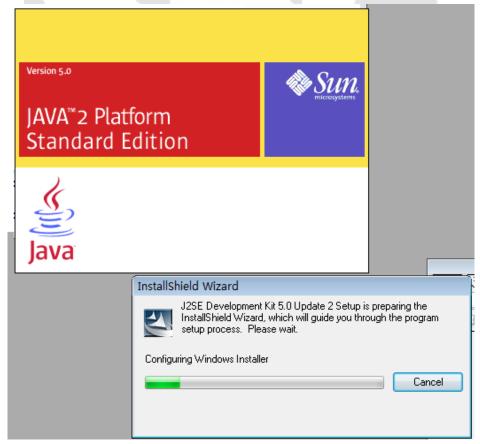


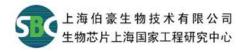
图 3 Java 的安装软件启动

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203)

技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086

电话: 021-51320288

传真: 021-51320266



3、进入安装协议确认,请选择接受软件协议,并点击 Next,如图 4:

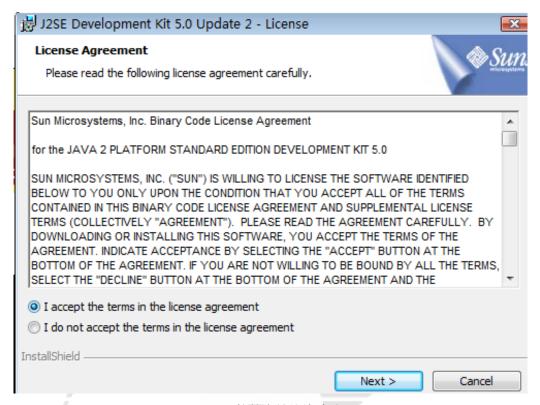


图 4 软件安转协议确认

4、软件安装组件选择界面,无需选择,请直接点击 Next,如图 5:

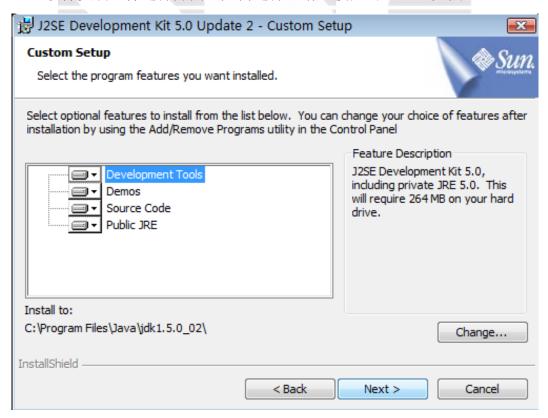
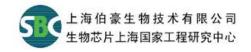


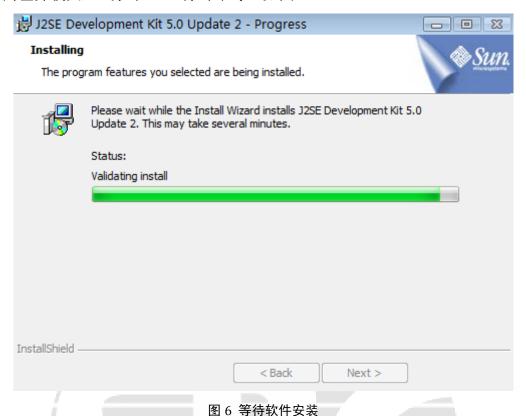
图 5 安装组件选择界面

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203) 技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086 电话: 021-51320288

传真: 021-51320266



5、请耐心等待软件安装,根据您电脑的操作系统,处理器频率和内存容量,安装时间差异较大,1分钟至15分钟不等,如图6:



6、软件将再次弹出组件选择窗口,请勿进行更改,直接点击 Next,如图 7:

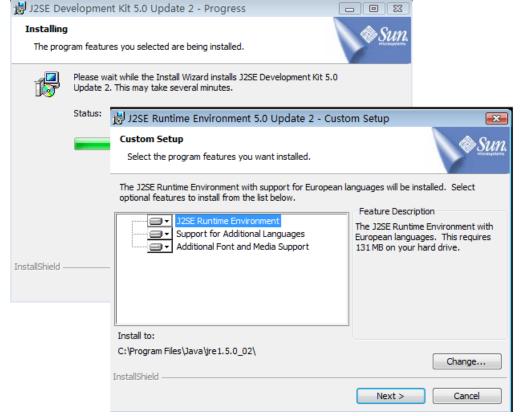


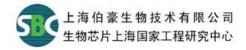
图 7 组件选择窗口,请直接点击 Next

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203)

电话: 021-51320288

传真: 021-51320266

技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086



7、软件将弹出浏览器插件选择,请选择 IE 浏览器,并点击 Next,如图 8:

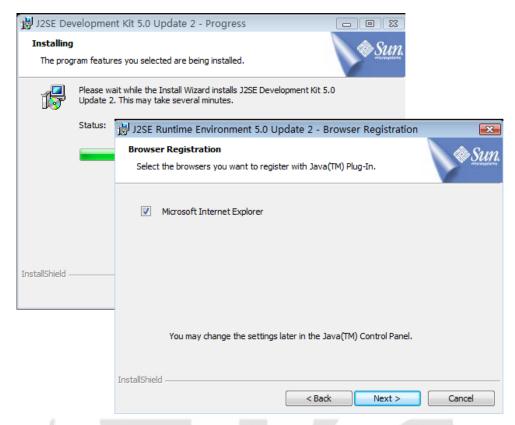


图 8 浏览器插件选择,请选择 IE,并点击 Next

8、请耐心等待软件安装,根据您电脑的操作系统,处理器频率和内存容量,安装时间差异较大,1分钟至5分钟不等,如图9:

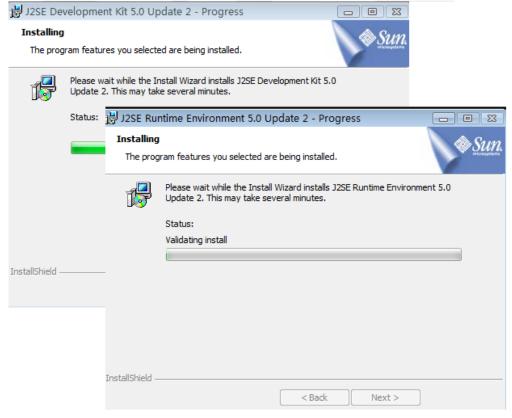


图 9 等待软件安装

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203)

电话: 021-51320288

传真: 021-51320266

技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086

9、安装完成软件将弹出窗口,请点击 Finish,如图 10:

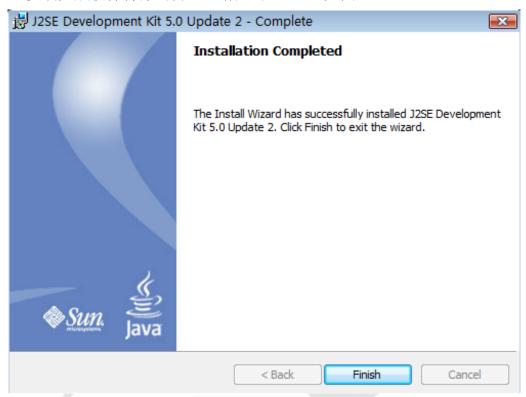


图 10 安装完成,请点击 Finish

10、安装程序将根据操作系统不同以及操作系统以往是否安装过 Java 平台进行 检测是否需要重启电脑,如果看到图 11 对话框弹出,请保存您正在进行的工作,然 后点击 Yes,安装软件将重新启动您的电脑。

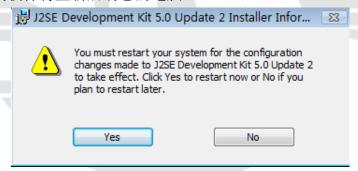
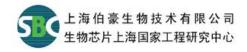


图 11 电脑重启对话框

至此, Java 平台已经安装完成, 进入下一步, 解压缩并运行 TreeView 软件。



## 二、Treeview 软件的运行

1、回到起始文件夹,选中 TreeView 压缩包,右击弹出 winrar 对话框(若您的电脑中尚未安装 winrar 软件,请先安装 winrar 软件,安装软件在光盘中已经提供),选择"解压到 TreeView-1.1.1-win...",如图 12:



图 12 选择压缩进行解压缩操作

2、完成解压缩后,出现 TreeView-1.1.1-win 的文件夹,如图 13:



图 13 解压缩后的文件夹

3、打开该文件夹,运行 win32TreeView, 如图 14:

名称	修改日期	类型	大小
coordinates	2007/7/12 22:58	文件夹	
images	2007/7/12 22:58	文件夹	
<b></b> lib	2007/7/12 22:58	文件夹	
META-INF	2007/7/12 22:58	文件夹	
\mu plugins	2007/7/12 22:58	文件夹	
<b>l</b> windows	2004/4/27 11:26	文件夹	
gpl	2007/7/12 22:58	TXT 文件	18 KB
<b>∰</b> setup	2004/4/27 4:24	应用程序	63 KB
☐ TreeView	2007/7/12 22:58	Executable Jar File	293 KB
win32TreeView	2007/7/12 22:58	Windows 批处理文件	1 KB

图 14 运行 win32TreeView

地址: 上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203) 技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086 电话: 021-51320288

传真: 021-51320266

技术用

4、系统将弹出一个 DOS 运行界面,如图 15。请勿关闭,只需将其最小化

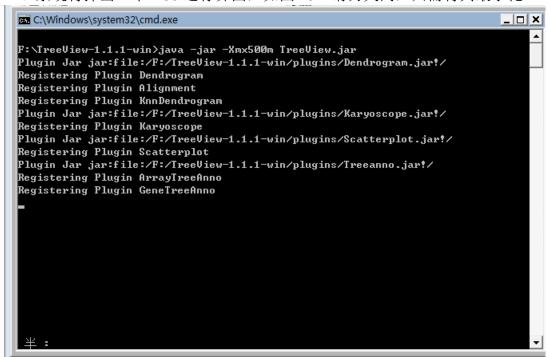


图 15 系统弹出 DOS 运行界面

5、DOS 界面运行后,Java TreeView 软件自动启动

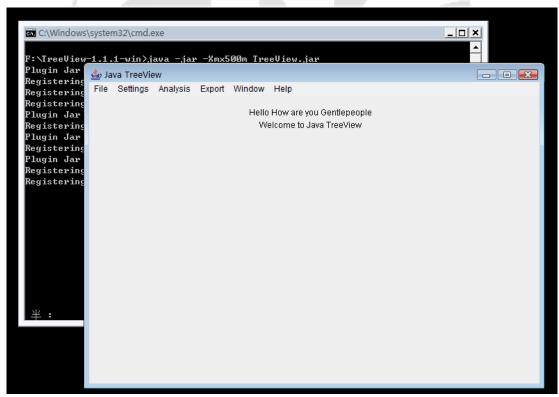
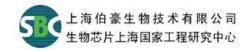


图 16 JavaTreeView 启动



业品吸尔

# 三、Treeview 软件使用说明

1、用Cluster软件进行聚类计算,结果是后缀为.atr,.cdt和.gtr的三个文件;如用SAS系统进行Heatmap分析,在结果文件夹中可以看到后缀为.atr,.cdt和.gtr的三个结果文件,点击这三个文件前的小方框,打钩选中,然后点击下方的"打包下载",解压下载的后的压缩包,这三个文件必须放在同一个文件夹里,请记住这些文件的保存路径。

		<u>名称</u> ▲	操作	大小	修改时间
		上级目录			
1. 🔳		DiffGene result.txt	重命名 列标签生成 筛选数据 修改	1704 KB	2010-12-07 11:27
2.		heatmap result.atr	重命名	593 B	2010-12-08 14:53
3.		heatmap result.cdt	重命名	199 KB	2010-12-08 14:53
4.		heatmap result.gtr	重命名	33 KB	2010-12-08 14:53
5.	•	heatmap result.png	重命名	40 KB	2010-12-08 14:53
6.	•	PCA result.png	重命名	4444 B	2010-11-30 10:49

图 17 从 SAS 系统上下载 Heatmap 的结果文件

2、打开Java Treeview,File=>open,打开cluster软件或SAS系统计算所得的结果文件中的\*.cdt文件。

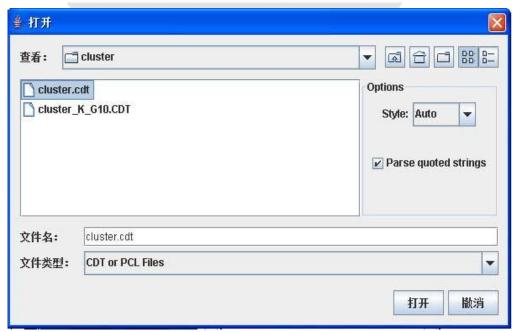


图 18 导入\*.cdt 文件

## 3、 Java Treeview界面说明

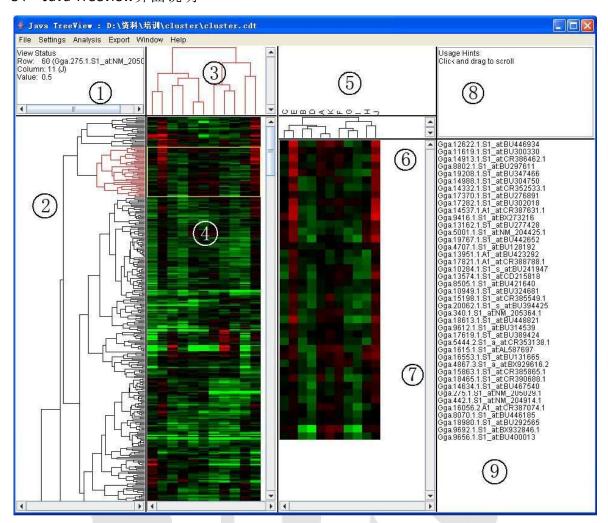


图 19 Java Treeview 界面

Java Treeview 的主界面由 9 个小窗口组成。

- 8窗口为操作提示窗口。
- ②窗口(Gene tree)
- (3)窗口(Array tree)和(4)窗口(数据矩阵)共同构成了 cluster 示意图。
- 在④窗口,点击鼠标左键拖动,或是在②窗口点击相应的 tree 选择 gene 区域,同时按 shift 可对 Array 区域进行选择,选定区域将在⑤窗口(Array 名称)⑥窗口(Array tree)⑦窗口(数据矩阵)和⑨窗口(Gene ID)中放大显示。
  - 在(7)窗口中将鼠标移至感兴趣的基因上,该基因的位置和值将在(1)窗口显示。

### 4、 导出图像

Export=> Export to image,可将 cluster 示意图导出。Gene 和 Array Headers 选择导出图像中 Gene 和 Array 的标签。Include 确定导出图像中包含的内容: 只导出选定区域(Selection Only),导出 Gene tree(Gene tree)、Array tree(Gene tree)和数据矩阵(Data Matrix),X、Y scale 确定数据矩阵的大小,Total Size 确定图像大小。将图像以\*.png 格式导出。

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203)

技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086

电话: 021-51320288

传真: 021-51320266

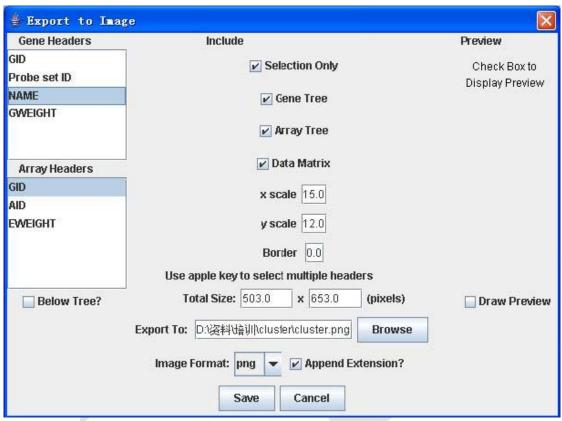


图 20 设定导出图像的参数

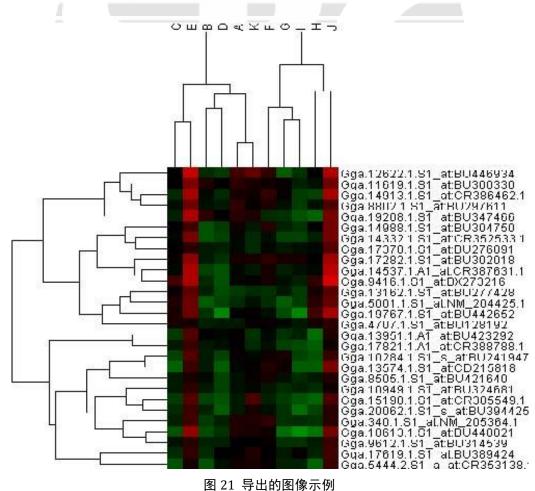


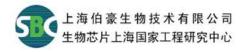
图 21 导出的图像示例

地址:上海市张江高科技园区李冰路 151 号(201203)

技术服务热线: 800-820-5086 / 400-880-5086

电话: 021-51320288

传真: 021-51320266



#### 5、导出色阶图

Export=> Export colorbar to image,可将 colorbar 导出。Draw vertically 确定横向或 纵向导出 colorbar,Number of Boxes 确定 colorbar 有几个刻度,decimals 确定刻度小数点后有几位,X、Y scale 确定矩阵的大小,Total Size 确定图像大小。将图像以\*.png格式导出。



上海伯豪生物技术有限公司 技术支持部 2010年10月