

shinyChromosome 用户手册

shinyChromosome 是一个可交互式创建全基因组非圆形图的 R/Shiny 应用程序。

源代码: <https://github.com/venyao/shinyChromosome>

在线使用: <http://150.109.59.144:3838/shinyChromosome/>

<http://shinychromosome.ncpgr.cn/>

<https://yimingyu.shinyapps.io/shinychromosome/>

联系方式: yimingyym@qq.com or yaowen@henau.edu.cn

1. 在线使用 shinyChromosome	3
2. shinyChromosome 的界面	3
3. 在个人电脑上安装 shinyChromosome	7
步骤 1: 安装 R 和 RStudio	7
步骤 2: 安装 R/Shiny 包和 shinyChromosome 需要的其他 R 包	7
步骤 3: 运行 shinyChromosome 应用程序	8
4. 利用 shinyChromosome 绘制非圆形的单基因组图形	10
4.1 创建非圆形单基因组图形的基本步骤	10
步骤 1. 准备并上传定义基因组长度的输入文件	10
步骤 2. 上传沿着所有染色体排布的其它数据集	11
步骤 3. 为每个输入数据集设置轨道位置和绘图类型	12
步骤 4. 点击“Go!”按钮绘制图形	12
4.2 关闭用于绘制单个基因组图的输入数据集	12
4.3 替换用于绘制单个基因组图的输入数据集	13
4.4 以 PDF 或 SVG 格式下载创建的单个基因组图形	14
4.5 下载 R 脚本和用户上传的输入数据集, 以重建单个基因组图形	15
4.6 利用 shinyChromosome 绘制不同类型的单基因组图形	17
4.6.1 绘制点图	17
4.6.2 绘制线形图	18
4.6.3 绘制柱状图	19
4.6.4 绘制渐变型矩形图	20
4.6.5 绘制离散型矩形图	21
4.6.6 绘制渐变型热图	22
4.6.7 绘制离散型热图	23
4.6.8 绘制 text	24

4.6.9 绘制线段图	25
4.6.10 绘制垂直线图	26
4.6.11 绘制水平线图	27
4.6.12 绘制 ideogram	28
4.7 利用 shinyChromosome 整合多个输入数据集创建高级单基因组图型	29
4.8 修饰单个基因组图图形的绘图选项	31
4.8.1 相连的染色体 v.s. 分离的染色体	31
4.8.2 水平排列的染色体 v.s. 垂直排列的染色体	33
4.8.3 设置点的颜色、大小和形状	33
4.8.4 为多个数据集设置矩形图的颜色	36
5. 利用 shinyChromosome 来绘制非圆形双基因组图形	39
5.1 绘制非圆双基因组图谱的基本步骤	39
步骤 1. 准备并上传沿水平轴排列的基因组数据文件	39
步骤 2. 准备并上传沿垂直轴排列的基因组数据文件	39
Step 3. 准备并上传主数据集	39
Step 4. 设置主数据集的绘图类型	39
Step 5. 点击“Go!”按钮来进行绘制	39
5.2 利用 shinyChromosome 绘制不同类型的双基因组图谱	40
5.2.1 渐变类型的点	41
5.2.2 离散类型的点	41
5.2.3 线段	42
5.2.4 渐变类型的矩形	43
5.2.5 离散类型的矩形	44
6. 修改由 shinyChromosome 绘制的非圆形全基因组图形的外观	46
6.1 图形大小	46
6.2 图的主题	46
6.3 字体大小	47
6.4 坐标轴标题	48
6.5 图例	49
6.6 不同轨道的高度和宽度	50

1. 在线使用 shinyChromosome

在线使用 shinyChromosome 的网址是 <http://150.109.59.144:3838/shinyChromosome/>, <http://shinychromosome.ncpgr.cn/>或者 <https://yimingyu.shinyapps.io/shinychromosome/>。用户可以根据访问速度选择访问这三个网址中的任意一个来使用 shinyChromosome。在通过访问网址激活 shinyChromosome 之前，它是停顿的。因此，第一次访问可能需要一些时间。一旦激活，shinyChromosome 就可以被流畅、方便地使用。

2. shinyChromosome 的界面

shinyChromosome 应用程序包含 5 个主菜单：“Single-genome plot”，“Two-genome plot”，“Gallery”，“Help”和“About”(图 1)。“Help”菜单包括“Usage and installation”，“Input data format”和“User manual”三个子菜单。“About”菜单列出了 shinyChromosome 应用程序的相关信息，包括基本介绍和 shinyChromosome 使用到的 R 包列表。

The screenshot shows the shinyChromosome application's user interface. At the top is a dark navigation bar with tabs: 'shinyChromosome', 'Single genome plot', 'Two genomes plot', 'Gallery', 'Help', and 'About'. The 'About' tab is currently selected. Below the navigation bar is a white content area. It contains a paragraph of text about the application, followed by three links: 'Single genome plot', 'Two genomes plot', and 'Help'. Underneath these links is a section titled 'Software references' containing a numbered list of 13 R packages and their versions. At the bottom of the content area is a small note: 'This application was created by Yiming Yu and Wen Yao. Please send bugs and feature requests to Yiming Yu (yimingyu@gmail.com) or Wen Yao (wenyao@qq.com). This application uses the shiny package from RStudio.'

shinyChromosome is a graphical user interface for interactive creation of non-circular whole genome diagrams developed using the R Shiny package.
To create single genome plot by aligning genome data along all chromosomes of a single genome, go to the Single genome plot menu.
To create two genomes plot for comparison of data across two genomes, go to the Two genomes plot menu.
For the detail format of input data, check the Input data format submenu of the Help menu.

Software references

1. R Development Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. R version 3.5.0 (2018)
2. RStudio and Inc. *shiny: Web Application Framework for R*. R package version 1.0.5 (2017)
3. Lionel Henry and Hadley Wickham. *rlang: Functions for Base Types and Core R and "Tidyverse" Features*. R package version 0.2.1 (2018)
4. H. Wickham. *ggplot2: Create Elegant Data Visualisations Using the Grammar of Graphics*. R package version 3.0.0 (2018)
5. Gábor Csárdi, Kuba Podgórski, Rich Geldreich. *zip: Cross-Platform zip Compression*. R package version 2.0.2 (2019)
6. Erich Neuwirth. *RColorBrewer: ColorBrewer palettes*. R package version 1.1-2 (2014)
7. Hadley Wickham. *plyr: Tools for Splitting, Applying and Combining Data*. R package version 1.8.4 (2016)
8. Jeffrey B. Arnold. *gridthemes: Extra Themes, Scales and Geoms for "ggplot2"*. R package version 3.4.0 (2017)
9. Christoph Boruvka, Urs Tilmann Wolpert and Sebastian Kreutzer. *RLumShiny: "Shiny" Applications for the R Package "Luminescence"*. R package version 0.2.0 (2017)
10. Baptiste Auguie. *gridExtra: Miscellaneous Functions for "Grid" Graphics*. R package version 2.3 (2017)
11. Hadley Wickham. *reshape2: Flexibly Reshape Data: A Reboot of the Reshape Package*. R package version 1.4.3 (2017)
12. Matt Dowle and Arun Srinivasan. *data.table: Extension of "data.frame"*. R package version 1.10.4-3 (2017)
13. JJ Allaire, Jeffrey Horner, Vincent Marti and Natacha Porte. *markdown: "Markdown" Rendering for R*. R package version 0.8 (2017)

Further references

This application was created by Yiming Yu and Wen Yao. Please send bugs and feature requests to Yiming Yu (yimingyu@gmail.com) or Wen Yao (wenyao@qq.com). This application uses the shiny package from RStudio.

图 1. shinyChromosome 应用程序的“About”菜单。

“Single-genome plot”菜单允许用户通过上传输入数据，创建沿着单个基因组的所有染色体排布的非圆形图(图 2)。在“Single-genome plot”菜单的左侧是选项面板，其中包含许多小部件来接受用户输入。当上传了合适的数据并正确设置了绘图选项后，可以在主面板的绘图区域中创建并显示基于输入数据构建的图形。主面板绘图区域上方的三个“Download”按钮供用户下载 PDF 或 SVG 格式的结果图，以及 R 脚本和用户上传的输入数据集，以重建该图。

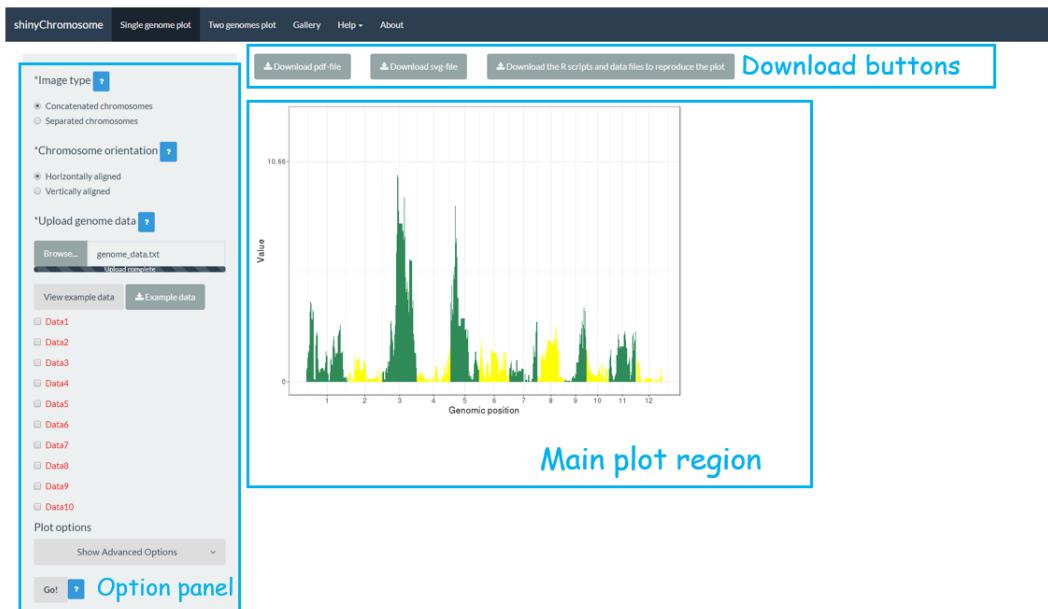


图 2. shinyChromosome 应用程序的“Single-genome plot”菜单。

“Two-genome plot”菜单允许用户上传输入数据创建基于两个基因组排布的图形，以便在两个基因组之间比较数据(图 3)。“Two-genome plot”菜单的左侧面板包含许多小部件，可以接受用户输入。当用户上传了合适的数据并正确设置了绘图选项后，就可以在主绘图区域创建并显示图形。在主绘图区域的顶部提供了三个“Download”按钮，供用户下载结果图，并提供了 R 脚本供用户在 R 命令行中重建图形。

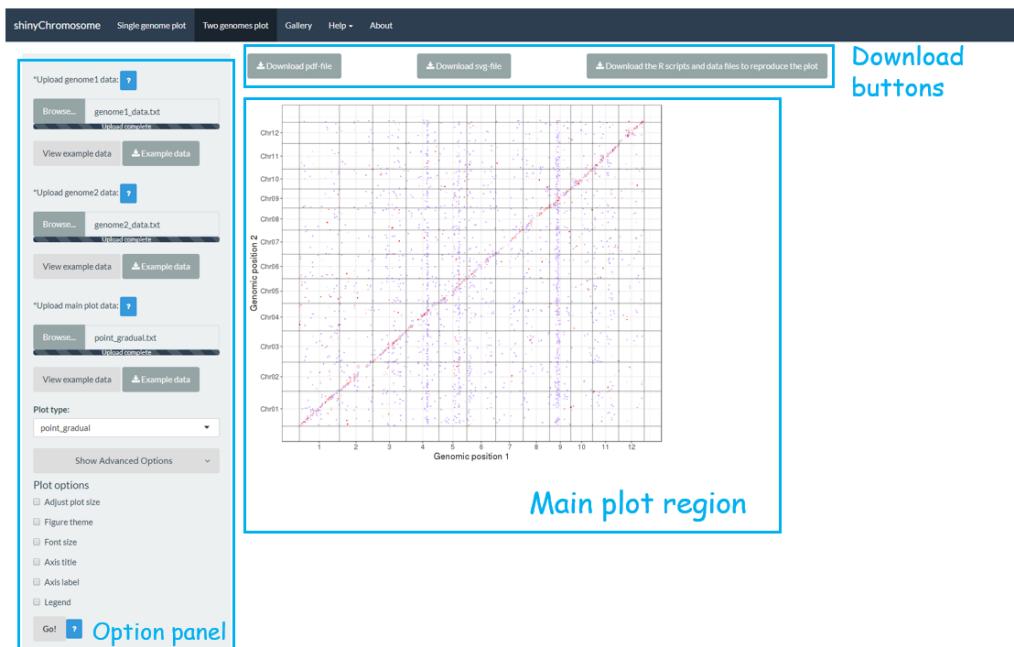


图 3. shinyChromosome 应用程序的“Two-genome plot”菜单。

在 shinyChromosome 应用程序的“Gallery”菜单中列出了 65 个使用 shinyChromosome 创建的示例图形(图 4)。同时提供了用于生成每个示例图的数据集以供下载，其中包含所有输入文件，每个输入文件的被合理命名，指示了数据集中每个文件对应的轨道和绘图类型。



图 4. shinyChromosome 应用程序的“Gallery”菜单。

shinyChromosome 的“Usage and installation”子菜单展示了使用 shinyChromosome 的不同方式(图 5)。

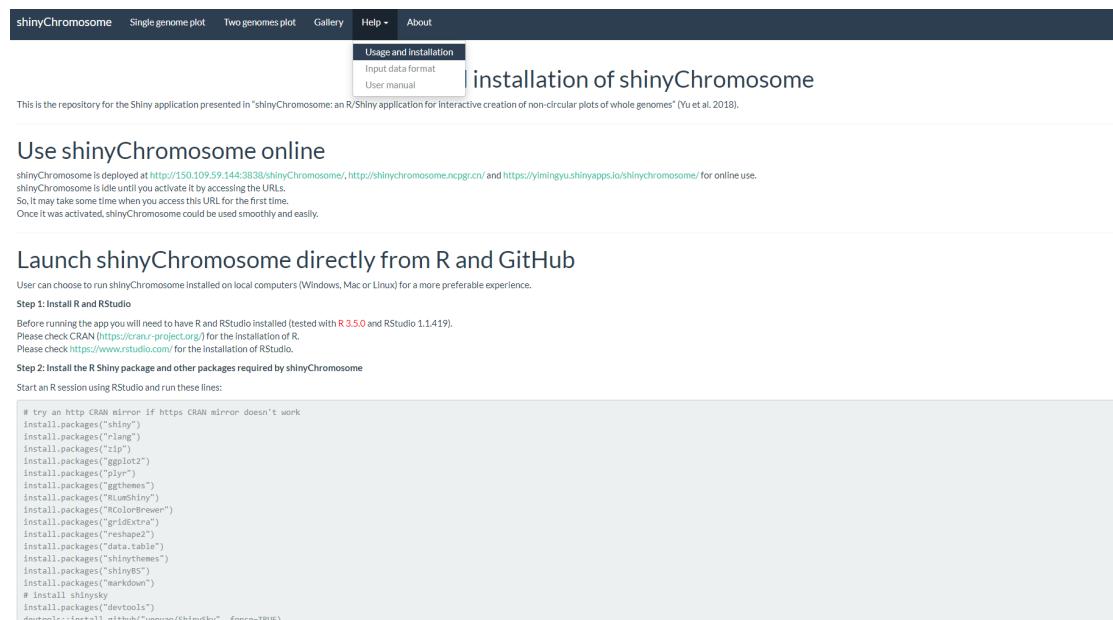


图 5. shinyChromosome 应用程序的“Usage and installation”子菜单。

“Input data format”子菜单提供了使用 shinyChromosome 创建不同类型图形的输入数据

的详细格式（图 6）。

The screenshot shows the shinyChromosome application interface. At the top, there is a navigation bar with tabs: shinyChromosome, Single genome plot, Two genomes plot, Gallery, Help ▾ (with a dropdown menu), and About. The 'Help ▾' dropdown menu is open, showing three options: Usage and installation, Input data format (which is highlighted with a blue border), and User manual. Below the navigation bar, there is a section titled 'Input data format' with the sub-subtitle 'The detailed format of input data for different types of plots are described in the following sections.' Under this, there is a heading '1. Single genome plot'. A sub-section '1.1 Genome data' follows, with the note 'The dataset should contain only 2 columns with fixed order. Column names are optional.' It specifies '1st column: chromosome ID.' and '2nd column: chromosome length.' Below this, it says 'Acceptable input data format can be' and shows two examples of tab-separated value (TSV) files:

```
chr    size
1 43268879
2 35930381
3 36406689
```

or

```
1 43268879
2 35930381
3 36406689
```

1.2 Point

The dataset should contain ≥ 3 columns.
In the simplest situation, the dataset should contain 3 columns with fixed order. In this case, column names are optional.
1st column: chromosome ID.
2nd column: chromosome position.
3rd column: data value.

图 6. shinyChromosome 应用程序的“Input data format”子菜单。

shinyChromosome 的“User manual”子菜单提供了本用户手册（英文版）的 PDF 格式文件（图 7）。

The screenshot shows the shinyChromosome application interface. At the top, there is a navigation bar with tabs: shinyChromosome, Single genome plot, Two genomes plot, Gallery, Help ▾ (with a dropdown menu), and About. The 'Help ▾' dropdown menu is open, showing three options: Usage and Installation, Input data format, and User manual (which is highlighted with a blue border). Below the navigation bar, there is a section titled 'User manual' with the subtitle 'User manual of shinyChromosome'. It contains a table of contents for the user manual PDF:

shinyChromosome is an R/Shiny application for interactive creation of non-circular plots of whole genomes.	1 / 51
Source code: https://github.com/venyaos/shinyChromosome	
Online use: http://150.109.59.144:3838/shinyChromosome/	
	http://shinychromosome.ngrok.io/
Contact: yimingyem@qq.com or yaowen@henau.edu.cn	
<hr/>	
1. Use shinyChromosome online 3	
2. Interface of shinyChromosome 3	
3. Installation of shinyChromosome on personal computers 7	
Step 1: Install R and RStudio 7	
Step 2: Install the R Shiny package and other packages required by shinyChromosome 7	
Step 3: Launch the shinyChromosome application 8	
4. Creation of non-circular single genome plots using shinyChromosome 10	
4.1 Essential steps to create a non-circular single genome plot 10	
Step 1. Prepare and upload the input file of the genome data 10	
Step 2. Upload other input datasets to be displayed along all chromosomes of the input genome 11	
Step 3. Set track index and plot type for each input dataset 12	
Step 4. Click the "Go!" button to make the plot 12	

图 7. shinyChromosome 应用程序的“User manual”子菜单。

3. 在个人电脑上安装 shinyChromosome

用户可以选择在个人电脑(Windows、Mac 或 Linux)上安装和运行 shinyChromosome，而无需将数据上传到在线服务器。shinyChromosome 是跨平台的应用，即 shinyChromosome 可以安装在任何具有可用 R 环境的平台上。shinyChromosome 的安装包括三个步骤。

步骤 1: 安装 R 和 RStudio

请查看 CRAN (<https://cran.r-project.org/>)以了解 R 的安装过程。

步骤 2: 安装 R/Shiny 包和 shinyChromosome 需要的其他 R 包

使用 RStudio 启动一个 R 会话并运行以下代码行 (图 8):

```
# try an http CRAN mirror if https CRAN mirror doesn't work
install.packages("shiny")
install.packages("rlang")
install.packages("zip")
install.packages("ggplot2")
install.packages("plyr")
install.packages("ggthemes")
install.packages("RLumShiny")
install.packages("RColorBrewer")
install.packages("gridExtra")
install.packages("reshape2")
install.packages("data.table")
install.packages("shinythemes")
install.packages("shinyBS")
install.packages("markdown")
# install shinysky
install.packages("devtools")
devtools::install_github("venyao/ShinySky", force=TRUE)
```

```

RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Console: R/R
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/shiny_1.3.2.zip'
Content type 'application/zip' length 4670895 bytes (4.5 MB)
downloaded 4.5 MB

package 'shiny' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("rlang")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/rlang_0.3.4.zip'
Content type 'application/zip' length 1038210 bytes (1.0 MB)
downloaded 1.0 MB

package 'rlang' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("zip")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/zip_2.0.2.zip'
Content type 'application/zip' length 441452 bytes (431 KB)
downloaded 431 KB

package 'zip' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("ggridges")
Installing package into 'C:/Program Files/R/library'
(as 'lib' is unspecified)
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/ggridges_0.2.0.zip'
Content type 'application/zip' length 3622647 bytes (3.5 MB)
downloaded 3.5 MB

package 'ggridges' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("ggplot2")
Installing package into 'C:/Program Files/R/library'
(as 'lib' is unspecified)
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/ggplot2_3.1.1.zip'
Content type 'application/zip' length 3622647 bytes (3.5 MB)
downloaded 3.5 MB

package 'ggplot2' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("gridExtra")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/gridExtra_2.3.0.zip'
Content type 'application/zip' length 1296990 bytes (1.2 MB)
downloaded 1.2 MB

package 'gridExtra' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("plyr")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/plyr_1.8.4.zip'
Content type 'application/zip' length 442233 bytes (431 KB)
downloaded 431 KB

package 'plyr' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages
> install.packages("ggthemes")
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/3.5/ggthemes_4.2.0.zip'
Content type 'application/zip' length 442233 bytes (431 KB)
downloaded 431 KB

package 'ggthemes' successfully unpacked and MD5 sums checked
The downloaded binary packages are in
  C:\Users\VA-PC\AppData\Local\Temp\Rtmpsrpk6c\downloaded_packages

```

图 8. 在 Windows PC 的 RStudio 上安装 shinyChromosome 依赖的 R 包。

步骤 3: 运行 shinyChromosome 应用程序

使用 RStudio 启动 R 会话并运行以下代码行:

```
shiny::runGitHub("shinyChromosome", "venyao")
```

此命令将从 GitHub 下载 shinyChromosome 的源代码到您计算机的临时目录中，然后在 web 浏览器中启动 shinyChromosome 应用程序。一旦网页浏览器关闭，下载的 shinyChromosome 代码将从您的电脑中删除。下次在 RStudio 中运行这个命令时，它将再次从 GitHub 下载 shinyChromosome 的源代码到一个临时目录。这个过程令人沮丧，因为从 GitHub 下载 shinyChromosome 的代码需要一些时间。

建议用户将 shinyChromosome 的源代码从 GitHub 下载到您电脑的一个固定目录，如 Windows 上的“E:\apps”(图 9)，按照图 9 所示的步骤，一个名为“shinyChromosome-master.zip”的 zip 文件将下载到您的计算机中。将此文件移动到“E:\apps”并解压缩此文件。然后在“E:\apps”中会生成一个名为“shinyChromosome-master”的目录。脚本“server.R”和“ui.R”可以在“E:\apps\shinyChromosome-master”中找到。然后，您可以通过在 RStudio 中运行以下几行脚本来启动 shinyChromosome 应用程序。

```
library(shiny)
runApp("E:/apps/shinyChromosome-master", launch.browser = TRUE)
```

然后，shinyChromosome 应用程序将在计算机的默认浏览器中打开(图 10)。

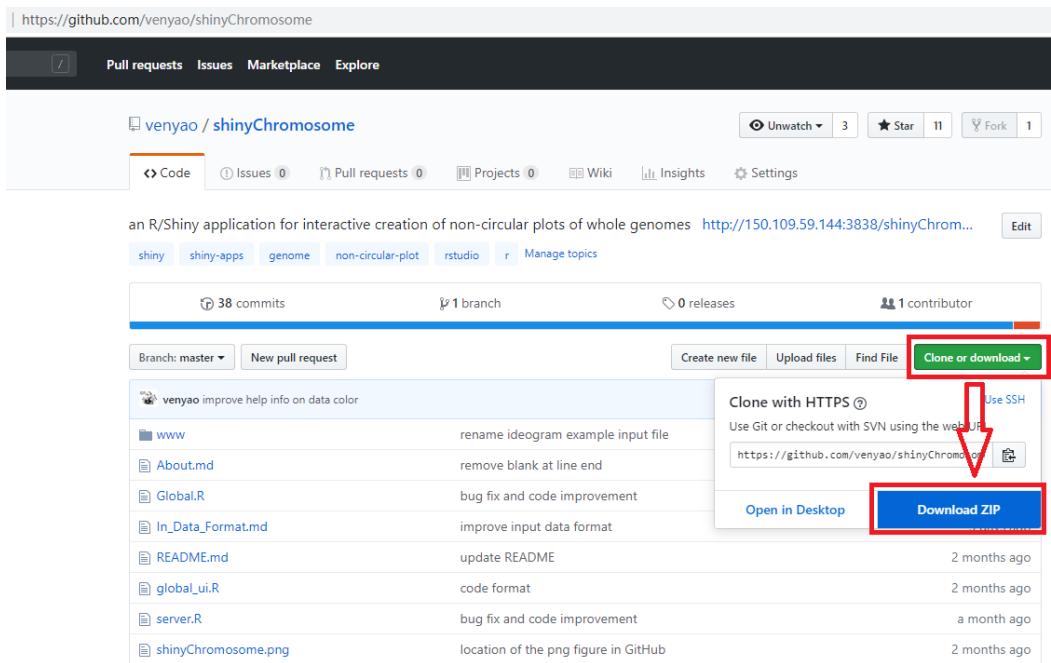


图9. 从 GitHub 下载 shinyChromosome 的源代码(<https://github.com/venyao/shinyChromosome>)。

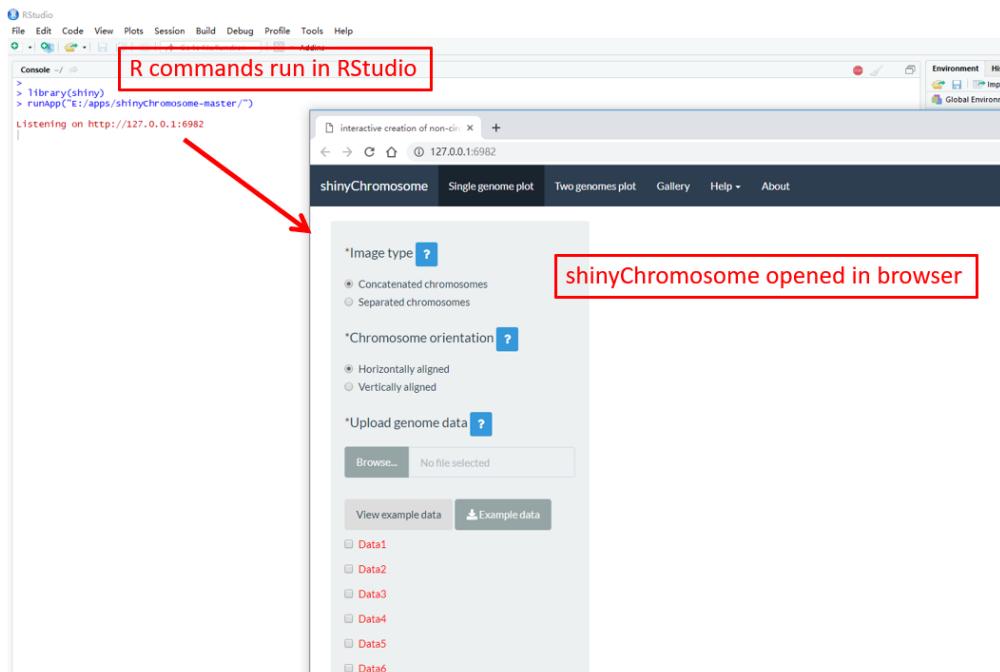


图10. 在本地个人计算机的 web 浏览器中启动 shinyChromosome。

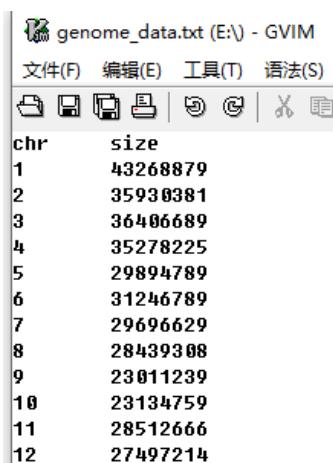
4. 利用 shinyChromosome 绘制非圆形的单基因组图形

用户可以使用 shinyChromosome 应用程序的“Single-genome plot”菜单，来创建非圆形的单基因组图形。制作单个基因组图时，必须输入定义基因组中每条染色体长度的文件，以及 1-10 个沿基因组排布的输入数据。在本节中，我们将演示使用 shinyChromosome 中的示例数据集，创建非圆形单基因组图的所有基本步骤。

4.1 创建非圆形单基因组图形的基本步骤

步骤 1. 准备并上传定义基因组长度的输入文件

基因组数据是必须输入的文件，它定义了非圆形图的框架（示例数据集可在 https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt 中获得）。基因组数据是一个包含两列的文本文件（图 11）。第一列是染色体编号，第二列是染色体长度。基因组数据的详细格式在 shinyChromosome 应用程序的“Input data format”菜单（在“Help”菜单下）中有说明。“Input data format”菜单中的内 容 也 可 以 在 GitHub 中 找 到 (https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/In_Data_Format.md)。



chr	size
1	43268879
2	35930381
3	36406689
4	35278225
5	29894789
6	31246789
7	29696629
8	28439308
9	23011239
10	23134759
11	28512666
12	27497214

图 11. 定义基因组长度的输入文件的格式。

现在，我们已经准备好了这个文件并将它存储在磁盘上（例如 Windows 上的“E:/”）。接下来，我们需要通过 shinyChromosome 应用程序中“Single-genome plot”菜单的左侧面板上“Upload genome data”标志下的“Browse...”小部件，将此文件上传到 shinyChromosome 应用程序中（图 12）。

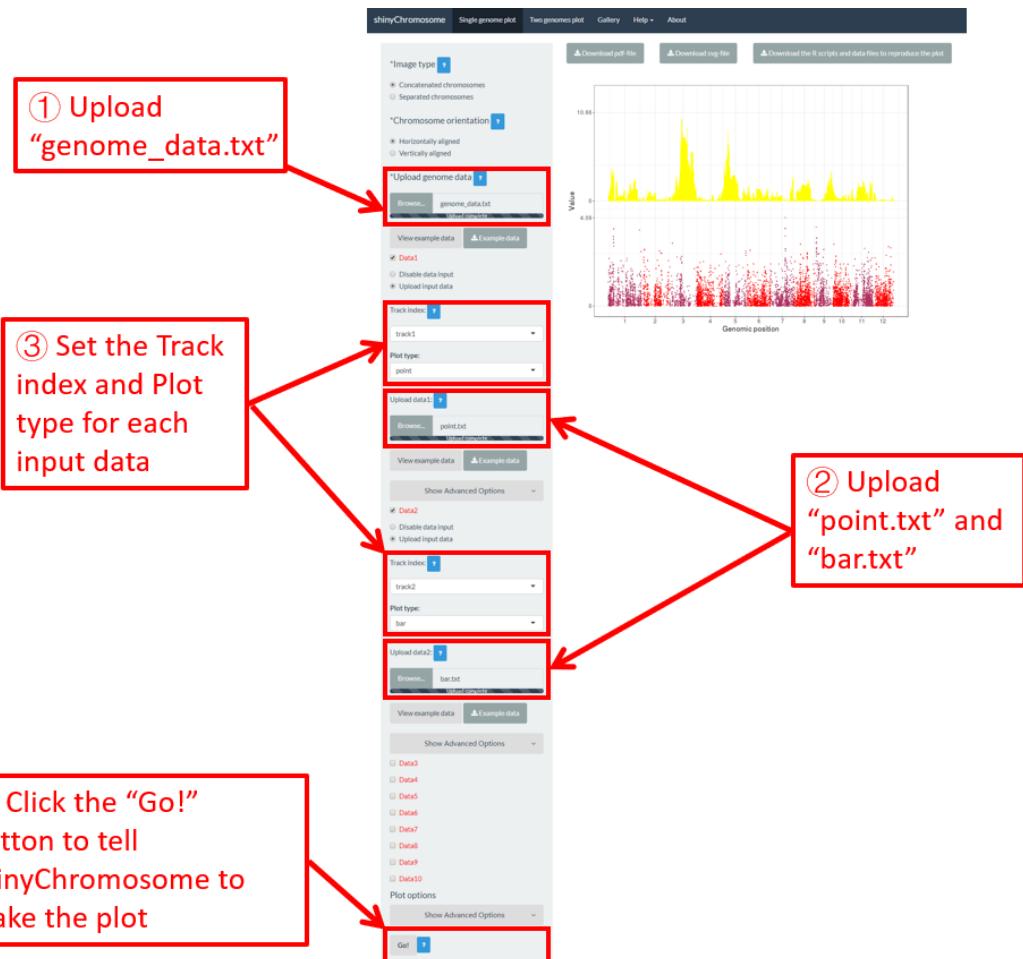


图 12. 利用 shinyChromosome 创建单个基因组图形的基本步骤。文件“genome_data.txt”被上传到 genome data 小部件中。文件“point.txt”上传到“Data1”轨道，而文件“bar.txt”上传到“Data2”轨道。

步骤 2. 上传沿着所有染色体排布的其它数据集

用户可以上传 1-10 个数据集，沿着步骤 1 中上传的基因组的所有染色体排布。“Single-genome plot”菜单左侧面板上的十个“DataX”（Data1 到 Data10）复选框就是为了这个目的而提供的（图 12）。在这里，我们使用两个输入数据集 (https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/point.txt 和 https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/bar.txt) 来演示这个过程。用来创建不同类型图形的输入文件的详细格式在 shinyChromosome 应用程序的“Input data format”子菜单中有说明(图 6)。首先，我们准备了两个文件并将它们存储在磁盘上（例如，windows 上的“E:/”）。要将文件“point.txt”上传到 Data1

对应的轨道，请选中“Data1”复选框，选择“Upload input data”单选按钮，然后点击“Browse...”小部件从磁盘上传入“point.txt”(图 12)。要将文件“bar.txt”上传到 Data2 对应的轨道，请选中“Data2”复选框，选择“Upload input data”单选按钮，然后点击“Browse...”小部件从磁盘上传入“bar.txt”。

步骤 3. 为每个输入数据集设置轨道位置和绘图类型

默认情况下，每个输入数据集的轨道位置为“track1”，每个输入数据集的绘图类型为“point”。因为我们希望使用文件“bar.txt”创建条形图，所以我们需要将文件“bar.txt”对应的轨道位置设置为“track2”，并将输入文件“bar.txt”的绘图类型设置为“bar”(图 12)。

步骤 4. 点击“Go!”按钮绘制图形

所有输入数据集成功上传到 shinyChromosome 应用程序并正确设置轨道位置和绘图类型后，我们需要单击“Single-genome plot”菜单左面板底部的“Go!”按钮，告诉 shinyChromosome 去绘制图形(图 12)。图 12 主面板中显示的图是使用步骤 1 和步骤 2 中上传的输入数据集生成的图。**默认情况下，在绘制图形时，shinyChromosome 将使用随机颜色或者预定义的颜色。**

4.2 关闭用于绘制单个基因组图的输入数据集

对于“Single-genome plot”菜单左侧面板上的每个“DataX”复选框，我们提供两个单选按钮选项：“Disable data input”和“Upload input data”。默认情况下，“Disable data input”单选按钮是被选中的。“Upload input data”用于上传输入数据集，而“Disable data input”用于关闭已上传的输入数据集。

在第 4.1 节中，我们分别将输入文件“point.txt”和“bar.txt”上传到“Data1”和“Data2”。“point.txt”文件用于创建图 12 中的散点图，而“bar.txt”用于创建图 12 中的条形图。如果我们想从图 12 中删除散点图并且只保留条形图，我们可以选中“Data1”复选框下的“Disable data input”单选按钮，然后单击左面板底部的“Go!”按钮，告诉 shinyChromosome 更新绘图结果。这个过程如图 13 所示。这样，shinyChromosome 就不会使用“point.txt”文件，只会创建条形图，图 13 所示。**当您通过左面板中提供的各种小部件修改任何选项或输入文件时，记得点击“Go!”按钮来更新绘图结果。**

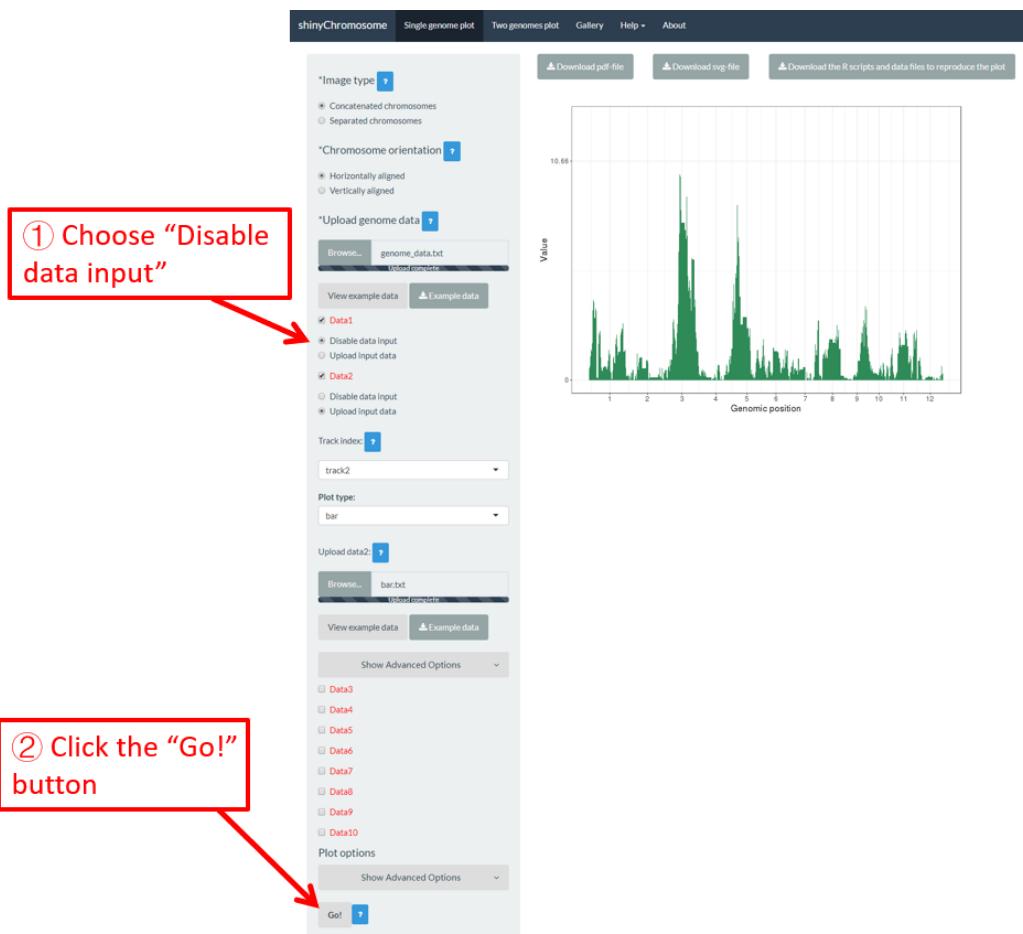


图 13. 关闭用于绘制单个基因组图的某个输入数据集的过程

4.3 替换用于绘制单个基因组图的输入数据集

单个基因组图通常由分布在不同轨道上的几种基本类型的图形组成。每个图形都是使用用户上传的输入数据集创建的。有时，我们可能需要替换其中一个或多个输入文件，这样我们就可以更新单个基因组图的某些组成部分，而无需重新创建整个图形。例如，我们想用一个新的输入文件“rect_discrete.txt”来替换上传到“Data2”的“bar.txt”来创建离散型矩形图。为了达到这个目的，我们可以使用“Data2”中“Upload input data”单选按钮下的“Browse...”小部件将“rect_discrete.txt”上传到“Data2”。这样，“Data2”中的“bar.txt”将替换为“rect_discrete.txt”。同时，我们需要将“Data2”的绘图类型设置为“rect_discrete”。最后，我们需要点击左面板底部的“Go!”按钮，告诉 shinyChromosome 更新相应的绘图结果。这个过程如图 14 所示。

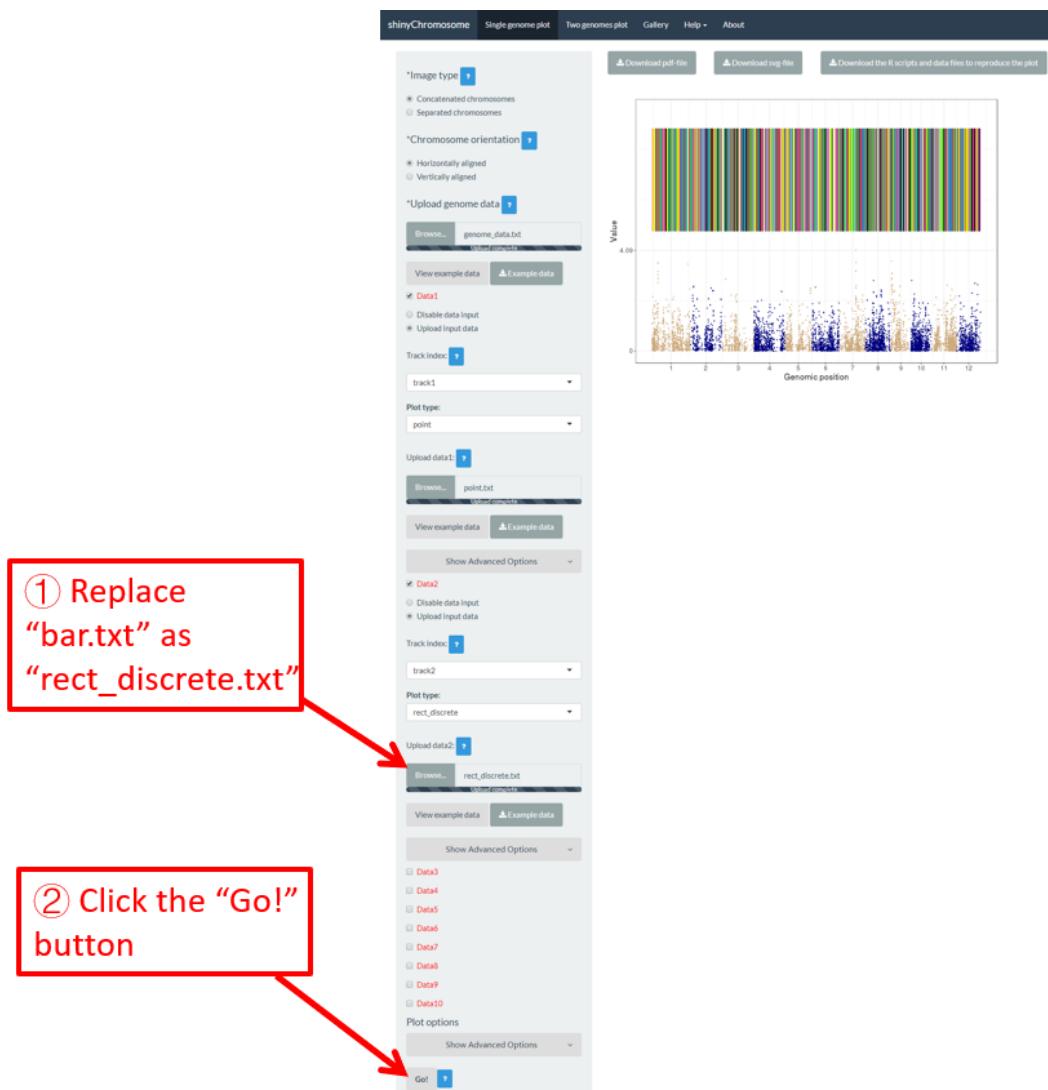


图 14. 替换用于绘制单个基因组图形的某个输入数据集的过程。

4.4 以 PDF 或 SVG 格式下载创建的单个基因组图形

生成单个基因组图形后，用户可以使用“Single-genome plot”菜单主面板上方的小部件“Download PDF-file”和“Download SVG-file”下载 PDF 或 SVG 格式的绘图结果(图 15)。默认情况下，下载的两个文件分别命名为“Visualization_1.pdf”和“Visualization_1.svg”。

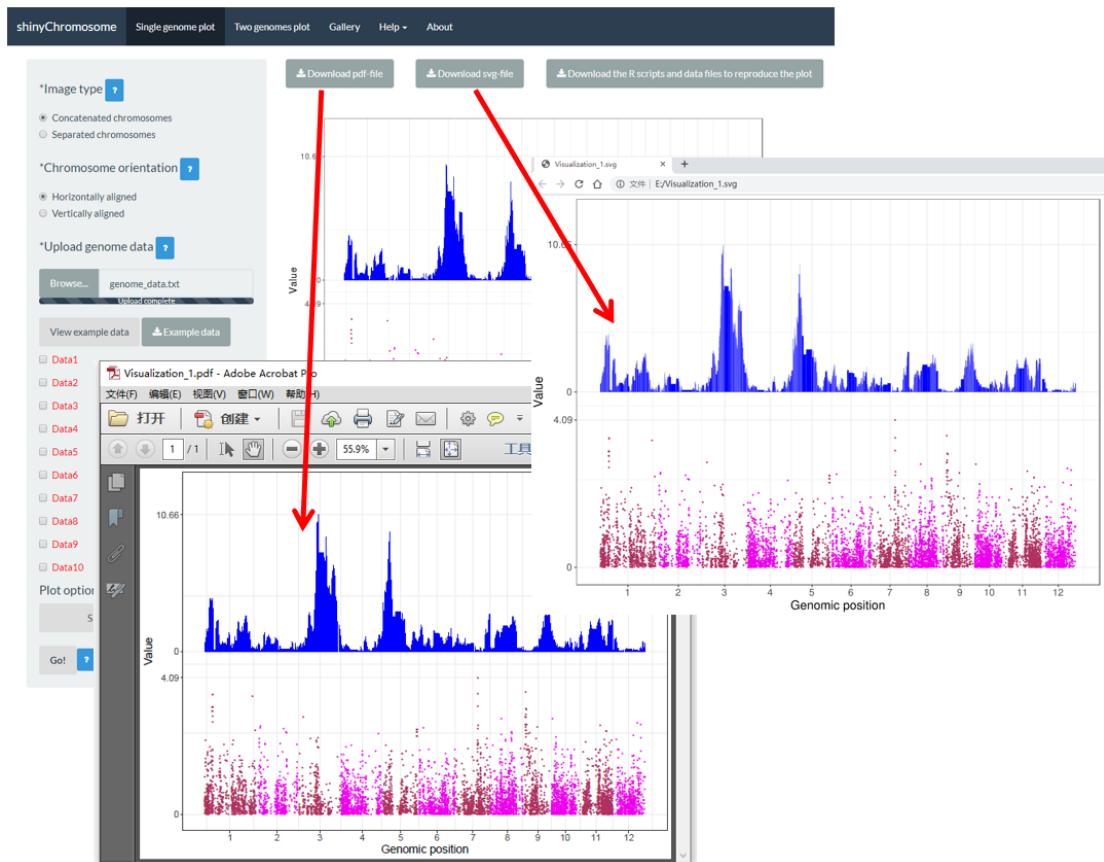


图 15. 下载的 PDF 文件“Visualization_1.pdf”可以在 Adobe Acrobat 中打开，下载的 SVG 文件“Visualization_1.svg”可以在 Google Chrome 浏览器中打开。

4.5 下载 R 脚本和用户上传的输入数据集，以重建单个基因组图形

一些用户可能已经注意到，当创建单个基因组图形时，在“Single-genome plot”菜单的主面板中生成的图形顶部提供了一个名为“Download the R scripts and data files to reproduce the plot”的下载小部件（图 16）。单击此按钮，将会以 zip 文件形式下载所有用户上传的输入数据集和两个 R 脚本。默认情况下，下载的 zip 文件被命名为“scripts_data_1.zip”。下载的 R 脚本和用户上传的输入数据集可以在 shinyChromosome 应用程序之外使用，以重建使用 shinyChromosome 图形界面生成的图形。下载的 R 脚本应该在 R 环境中使用。下载的 R 脚本可以与用户分析流程中的其他脚本一起使用。下载的 R 脚本可以被循环使用来生成很多类型的图形，只需要修改输入数据文件即可。

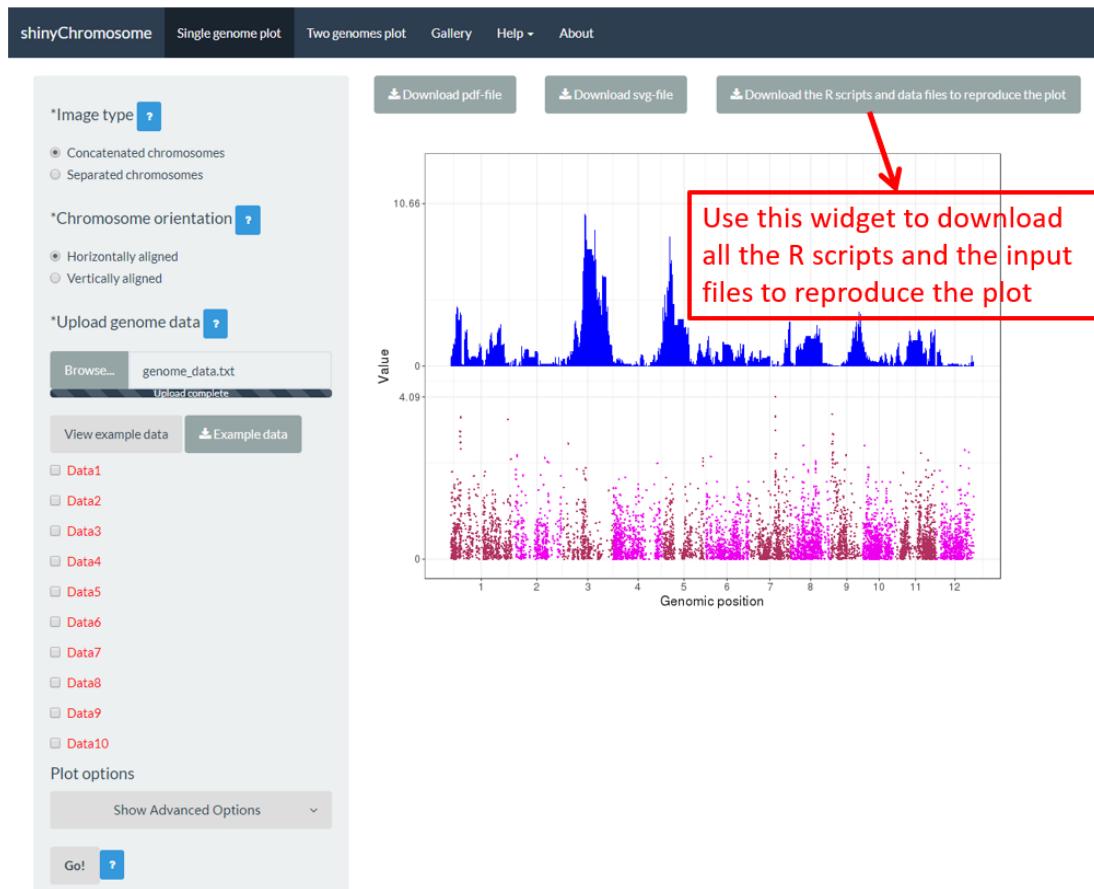


图 16. 下载 R 脚本和用户上传的输入文件来重建绘图结果的小部件。

要使用“scripts_data_1.zip”文件，请将该文件解压缩到计算机中的一个目录，例如“E:/”。然后使用 RStudio 打开 R 环境。R 脚本 “Script_1.R”是在 RStudio 中用来绘制图形的主要 R 脚本。磁盘中 “Script_1.R” 脚本的路径通常与 RStudio 默认的工作目录不同。我们需要将它们设置为相同的目录。在本示例中，因为 R 脚本和用户上传的输入数据集被解压缩到目录“E:/”中，所以我们通过编辑 RStudio 中的“Script_1.R”脚本将 RStudio 的工作目录也设置为“E:/”（图 17）。最后，运行编辑后的“Script_1.R”脚本中的所有代码，在目录“E:/”中将生成一个名为“Visualization_1.pdf”的 PDF 文件。生成的“Visualization_1.pdf”文件的内容与图 16 中使用 shinyChromosome 的图形界面生成的图形是一样的。

```

1 ## setwd("absolute path of current directory containing the download scripts and data files")
2 options(scipen=5)
3 source("writeCmd-1_function.R")
4 library(ggplot2)
5 library(plyr)
6 library(ggthemes)
7 library(RColorBrewer)
8 library(gridExtra)
9 library(reshape2)
10 library(data.table)
11 library(grid)
12
13 Height <- 550
14 width <- 750
15 chr_plottype <- 1
16 plot_direct <- 1
17 theme_sty <- "theme1"
18 font_size <- 16
19 xtitle <- "Genomic p"
20 ytitle <- "value"
21
22
```

图 17. 打开并编辑脚本, 如红色框中所示。然后在 RStudio 中运行修改后的“Script_1.R”脚本中的所有代码, 以重建单个基因组图形。

4.6 利用 shinyChromosome 绘制不同类型的单基因组图形

使用 shinyChromosome 可以创建 12 种不同类型的图形, 包括 point, line, bar, rect_gradual, rect_discrete, heatmap_gradual, heatmap_discrete, text, segment, vertical_line, horizontal_line 和 ideogram。要创建单个基因组图形, 至少需要两个输入数据文件, 一个是定义基因组长度的基因组数据文件, 另一个是沿基因组显示的染色体数据集。定义基因组长度的文件的格式见第 4.1 节。在 shinyChromosome 应用程序的“Input data format”菜单 (在“Help”菜单下) 中展示了用于绘制不同类型单基因组图形的输入文件的详细格式。在这一节中, 我们将展示使用 shinyChromosome 图形界面和示例输入数据集绘制不同类型单基因组图形的关键参数。本节中使用的定义基因组长度的输入文件与第 4.1 节中使用的文件是一样的 (https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt)。

4.6.1 绘制点图

利用 shinyChromosome 绘制点图需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个点的基因组位置和数值的输入文件。绘制点的最基本数据集应该包含 **3列**：染色体 ID、基因组位置和数值。每个基因组的位置用一个点来表示。在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和“point.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/point.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制点图的过程(图 18)。

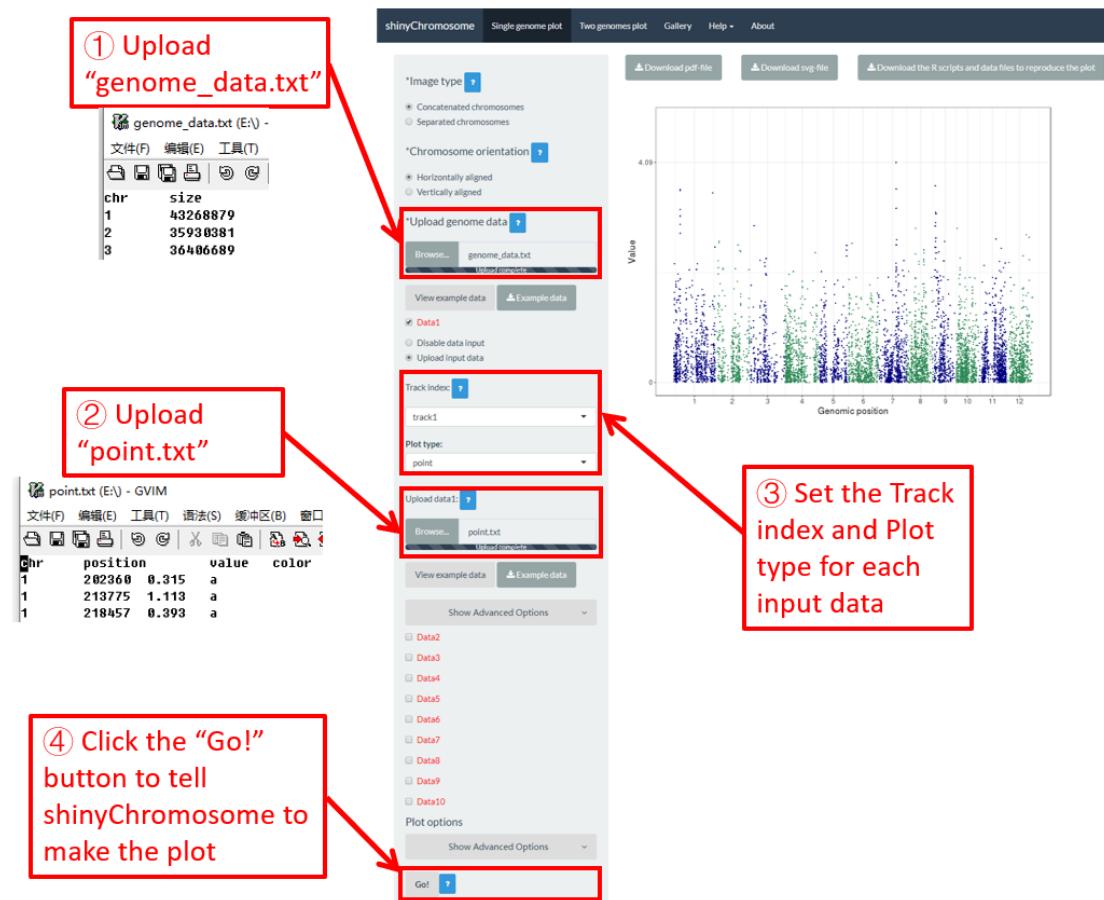


图 18. 使用 shinyChromosome 绘制点图的过程。

4.6.2 绘制线形图

利用 shinyChromosome 绘制线性图需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个点的基因组位置和值的输入文件，所有的点连接起来就成了一条线。绘制直线最基本的数据集应包含 **3列**：染色体 ID、基因组位置和数值。在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “line.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/line.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制线形图的过程(图 19)。

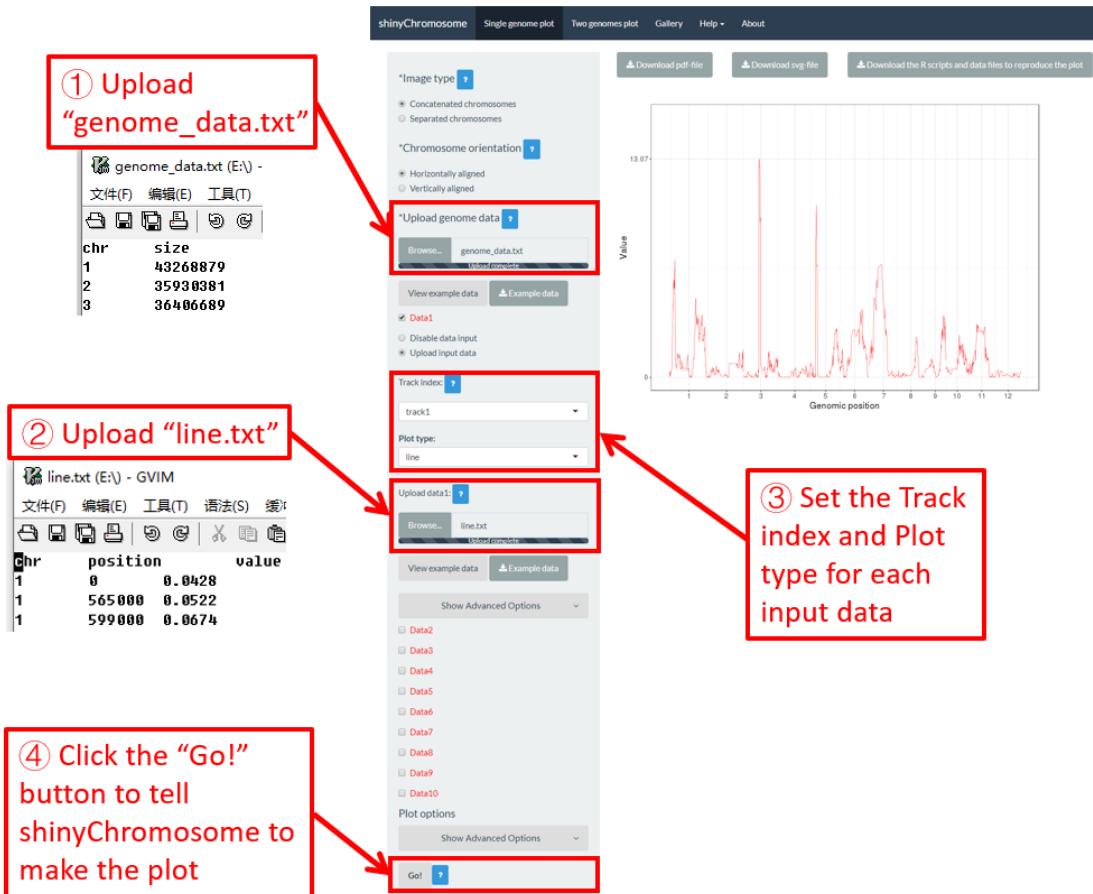


图 19. 使用 shinyChromosome 绘制线形图的过程。

4.6.3 绘制柱状图

利用 shinyChromosome 绘制柱状图需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个基因组区间的位置和值的输入文件。绘制柱状图最基本的数据集应该包含 4 列：染色体 ID、基因组区间的起始坐标、基因组区间的结束坐标和不同柱子的高度。在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件 “genome_data.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “bar.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/bar.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制柱状图的过程 (图 20)。

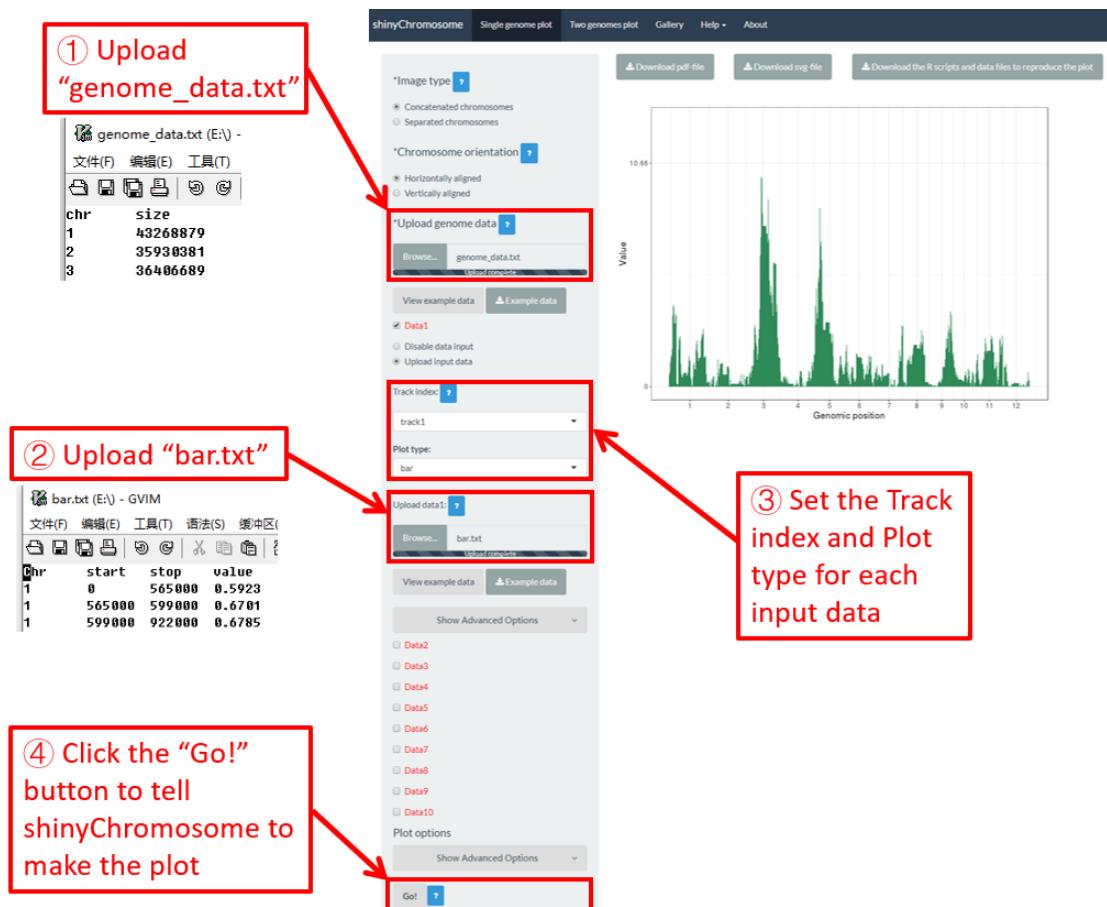


图 20. 使用 shinyChromosome 绘制柱状图的过程。

4.6.4 绘制渐变型矩形图

利用 shinyChromosome 绘制渐变型矩形图需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个基因组区间的位置和值的输入文件。绘制渐变型矩形图最基本的数据集应该包含 4 列：染色体 ID、基因组区间的起始坐标、基因组区间的结束坐标和每个矩形的值。第 4 列应该是表示连续变量的数值向量。在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “rect_gradual.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/rect_gradual.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制渐变型矩形图的过程（图 21）。请注意，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割 12 条染色体。

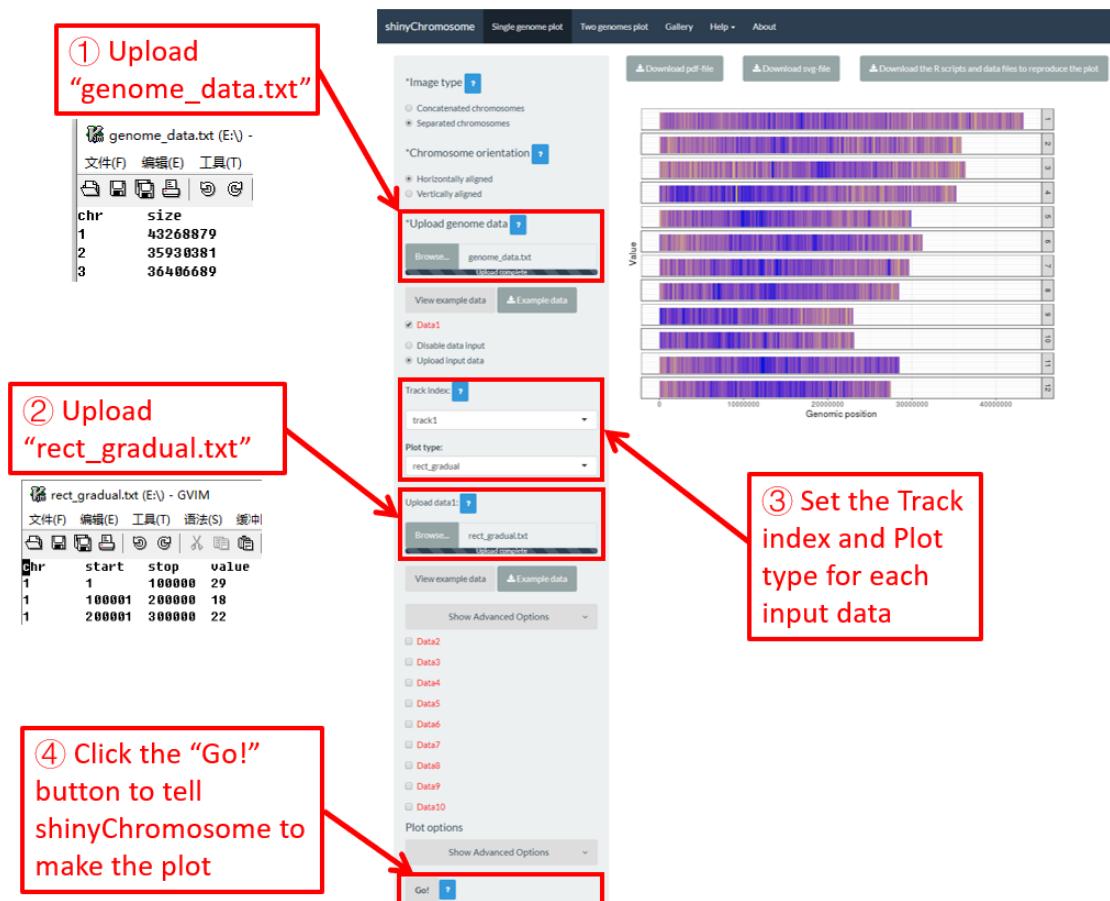


图 21. 使用 shinyChromosome 绘制渐变型矩形图的过程。

4.6.5 绘制离散型矩形图

利用 shinyChromosome 绘制离散型矩形图需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个基因组区间的位置和值的输入文件。绘制离散型矩形图最基本的数据集应该包含 4 列：染色体 ID、基因组区间的起始坐标、基因组区间的结束坐标和每个矩形的值。第四列应该是表示离散变量的字符串向量。在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “rect_discrete.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/rect_discrete.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制离散型矩形图的过程（图 22）。请注意，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割水稻基因组的 12 条染色体。

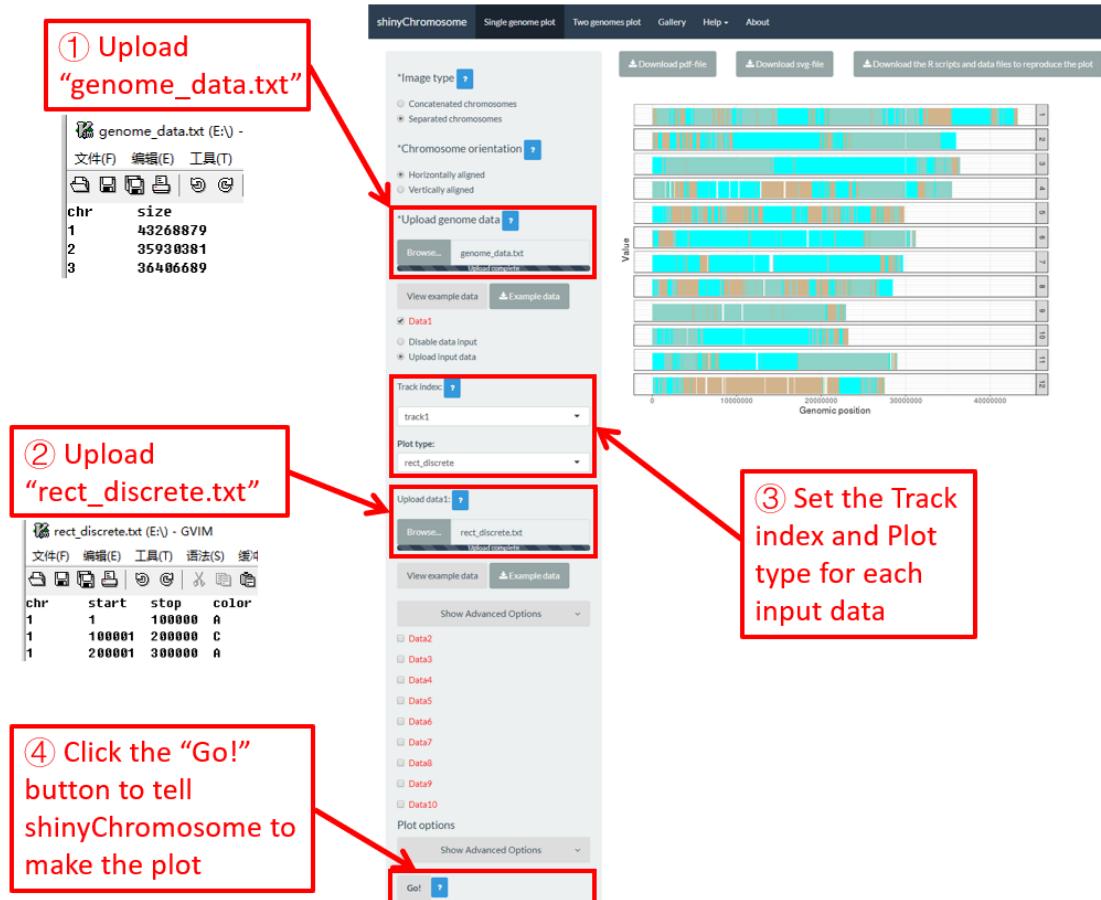


图 22. 使用 shinyChromosome 绘制离散型矩形图的过程。

4.6.6 绘制渐变型热图

利用 shinyChromosome 制作渐变型热图，我们需要两个输入文件，基因组数据文件和定义每个基因组区域的位置和值的输入文件，每个基因组区域作为热图的一个单元显示。绘制渐变型热图最基本的数据集应至少包含 4 列。

- 渐变型热图的 1-3 列数据是染色体 ID、基因组区域的起始坐标和基因组区域的结束坐标。
- 除前三列外，其他列应为表示连续变量的**数值向量**。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “heatmap_gradual.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/heatmap_gradual.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制渐变型热图的过程(图 23)。请注意，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割水稻基因组的 12 条染

色体。

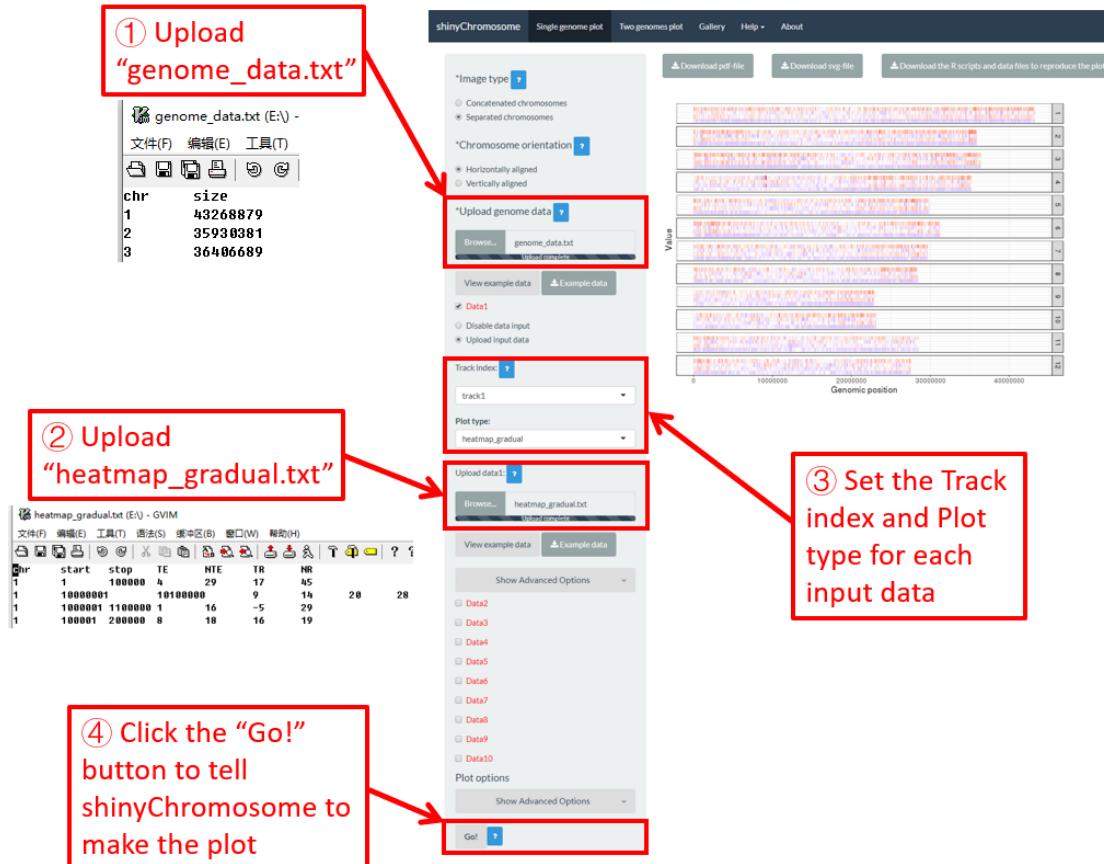


图 23. 使用 shinyChromosome 绘制渐变型热图的过程。

4.6.7 绘制离散型热图

利用 shinyChromosome 制作离散型热图，我们需要两个输入文件：基因组数据文件和定义每个基因组区域的位置和值的输入文件，每个基因组区域作为热图的一个单元来显示。绘制离散型热图的最基本数据集应至少包含 4 列。

- 离散型热图的 1-3 列数据是染色体 ID、基因组区域的起始坐标和基因组区域的结束坐标。
- 除前三列外，其他列应为表示不同类别的字符串向量。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “heatmap_discrete.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/heatmap_discrete.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制离散型热图的过程（图

24)。请注意，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割水稻基因组的 12 条染色体。

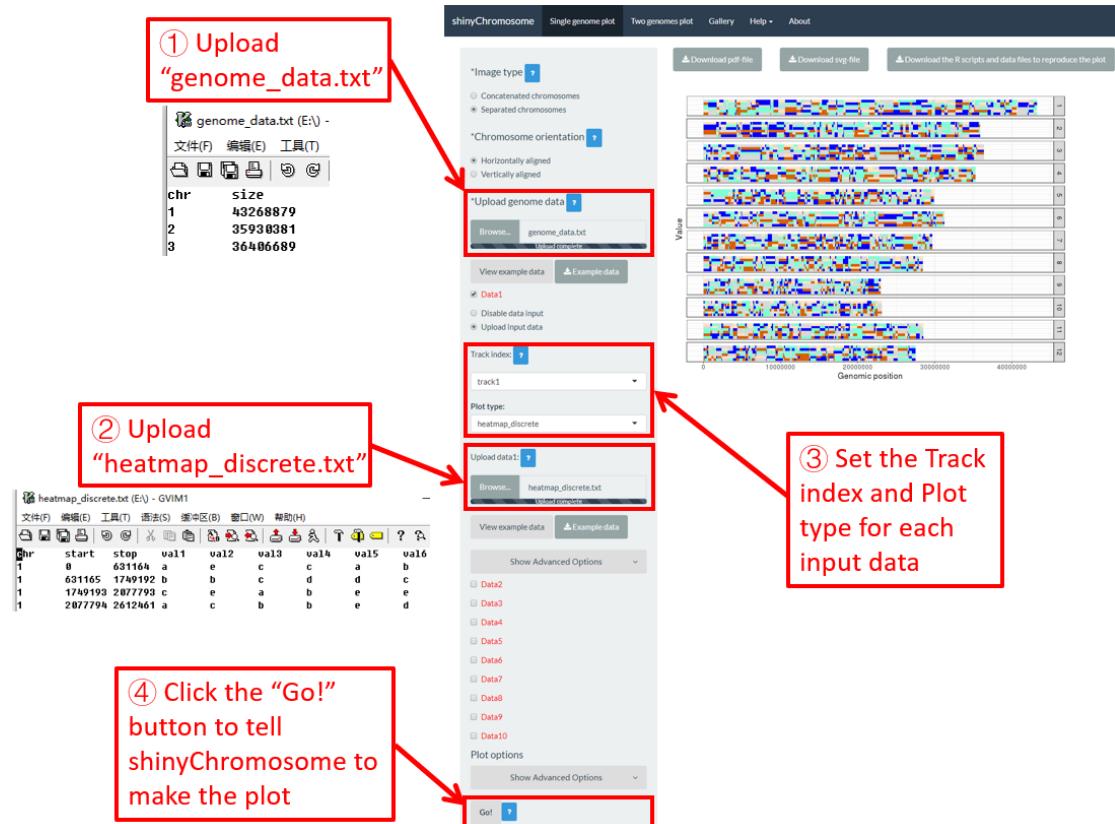


图 24. 使用 shinyChromosome 绘制离散型热图的过程。

4.6.8 绘制 text

要使用 shinyChromosome 绘制文本，我们需要两个输入文件，基因组数据文件和定义要沿基因组显示的文本位置的输入文件。绘制文本最基本的数据集应包含 4 列。

- 第 1-3 列数据是染色体 ID、X 轴坐标和 Y 轴坐标。
- 最后一列应该是表示文本的**字符串向量**。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和“text.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/text.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制文本图的过程(图 25)。请注意，一些高级选项已经修改，如图 25 所示。并且，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割水稻基因组的 12 条染色体。

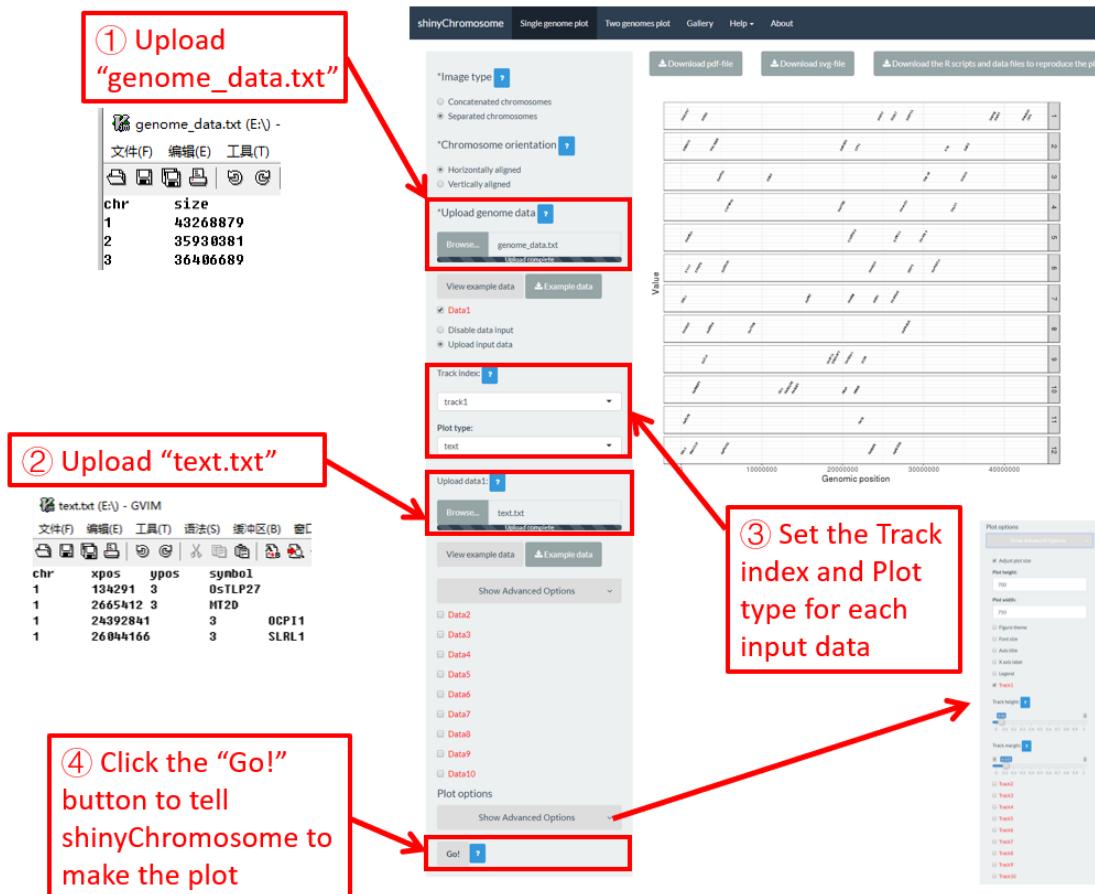


图 25. 使用 shinyChromosome 绘制文本图的过程。

4.6.9 绘制线段图

使用 shinyChromosome 绘制线段图，我们需要两个输入文件，即基因组数据文件和定义沿基因组显示的线段的开始和结束位置的输入文件。绘制线段图最基本的数据集应包含 5 列。

- 第 1 列包含每个片段的染色体 ID。
- 第 2-3 列和第 4-5 列分别代表片段两端的位置。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “segment.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/segment.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制线段图的过程(图 26)。

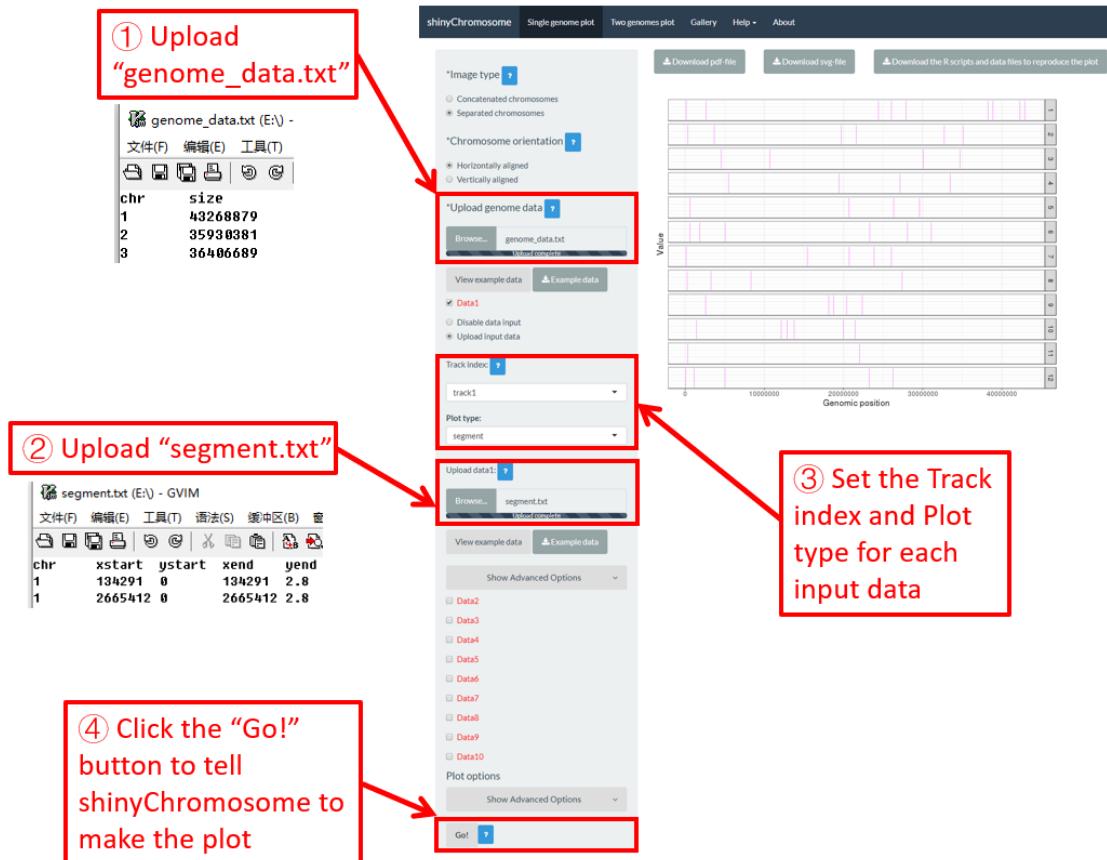


图 26. 使用 shinyChromosome 绘制线段图的过程。

4.6.10 绘制垂直线图

垂直线图通常与其他类型的图形混合使用。创建垂直线图的输入数据应包含**两列**。第一列是染色体 ID，第二列是每条垂直线的 X 轴坐标。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt)，“vertical_line.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/vertical_line.txt) 和 “bar.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/bar.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制垂直线图的过程(图 27)。

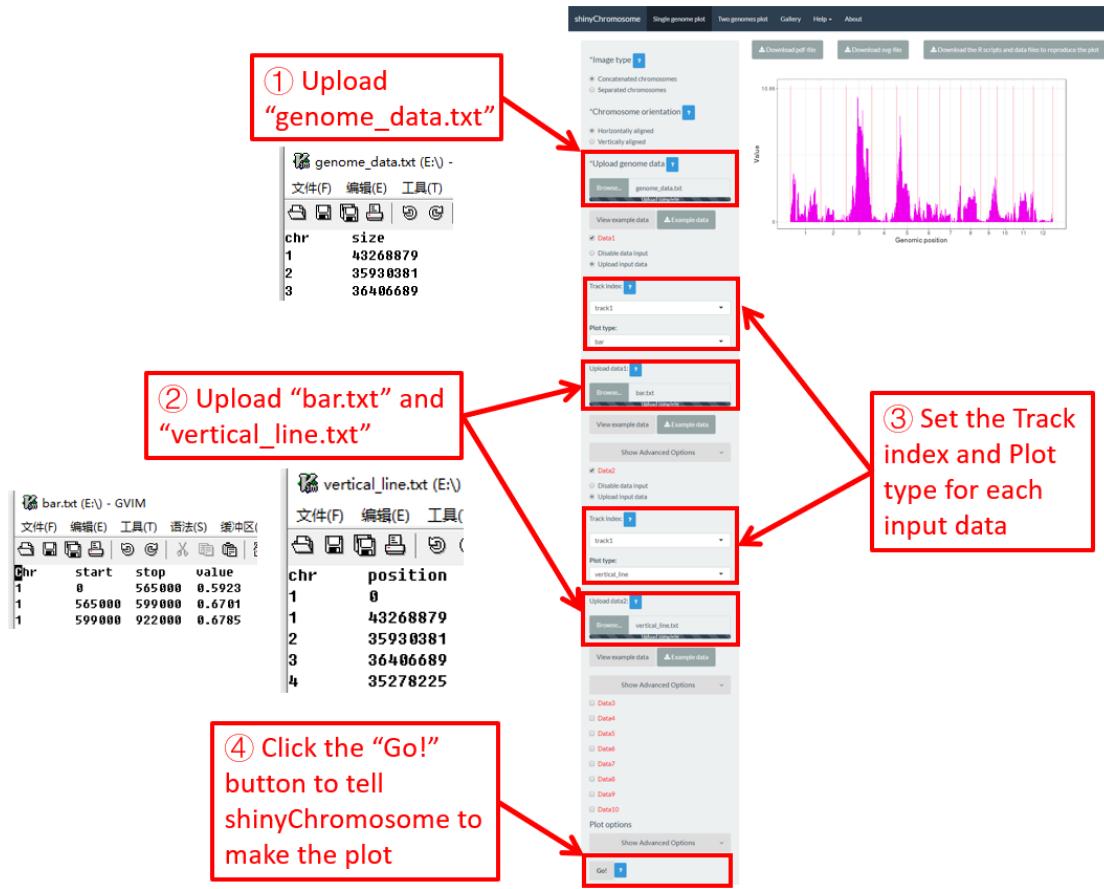


图 27. 使用 shinyChromosome 绘制垂直线图的过程。

4.6.11 绘制水平线图

水平线图通常与其他类型的图形混合使用。创建水平线图的输入数据应包括一列，表示每条水平线的 Y 轴坐标。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt)，“horizontal_line.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/horizontal_line.txt) 和 “bar.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/bar.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制水平线图的过程(图 28)。

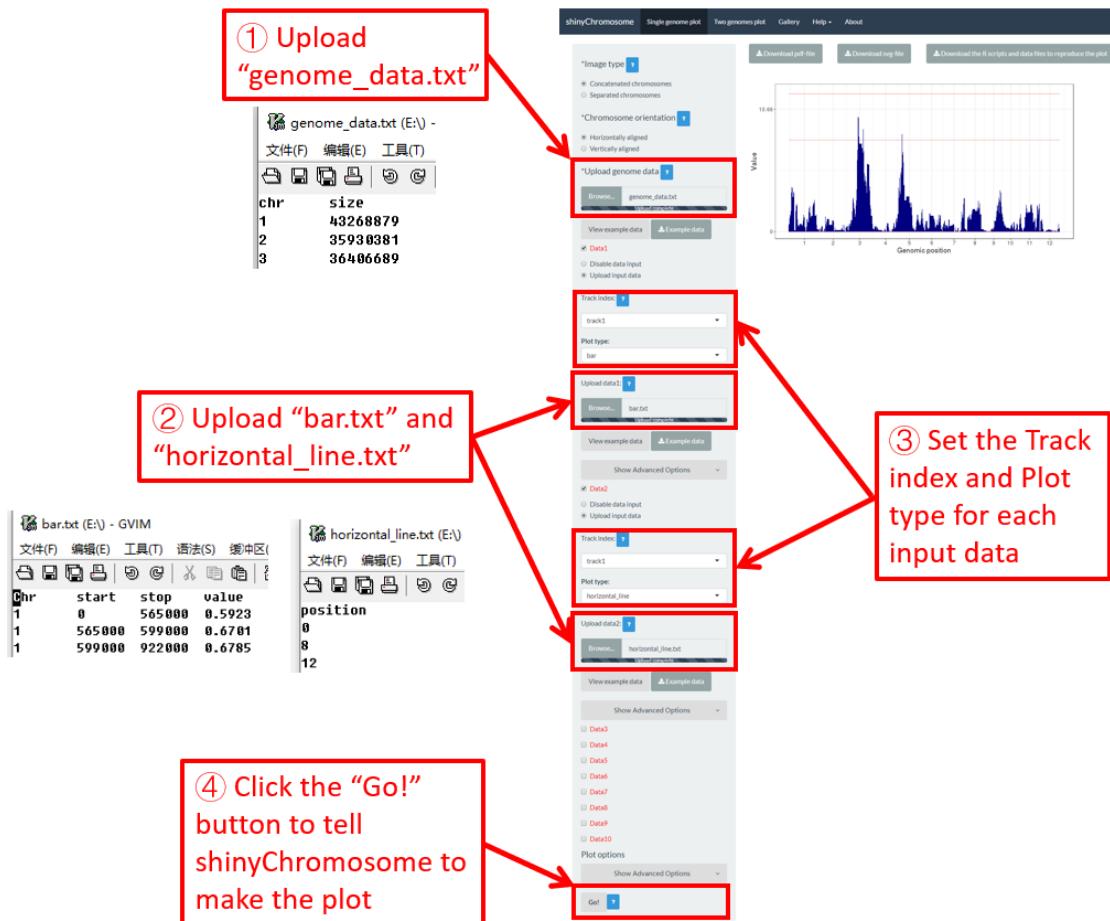


图 28. 使用 shinyChromosome 绘制水平线图的过程。

4.6.12 绘制 ideogram

Ideogram 是染色体的图解表示。创建 ideogram 的输入数据应包含 5 列。请查看 <https://www.nature.com/scitable/topicpage/chromosome-mapping-idiograms-302> 和 http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgTables?db=hg38&hgta_group=map&hgta_track=cytoBand&hgta_table=cytoBand&hgta_doSchema=describe+table+schema 获取更多信息。使用 shinyChromosome 绘制 ideogram，需要两个输入文件：基因组数据文件和用来创建 ideogram 的输入文件。

在这里，我们使用 shinyChromosome 源代码中提供的示例文件“genome_data.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/genome_data.txt) 和 “ideogram.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/single_genome/ideogram.txt) 来演示使用 shinyChromosome 绘制 ideogram 的过程 (图 29)。请

注意，要将“Image type”设置为“Separated chromosomes”来分割水稻基因组的 12 条染色体。

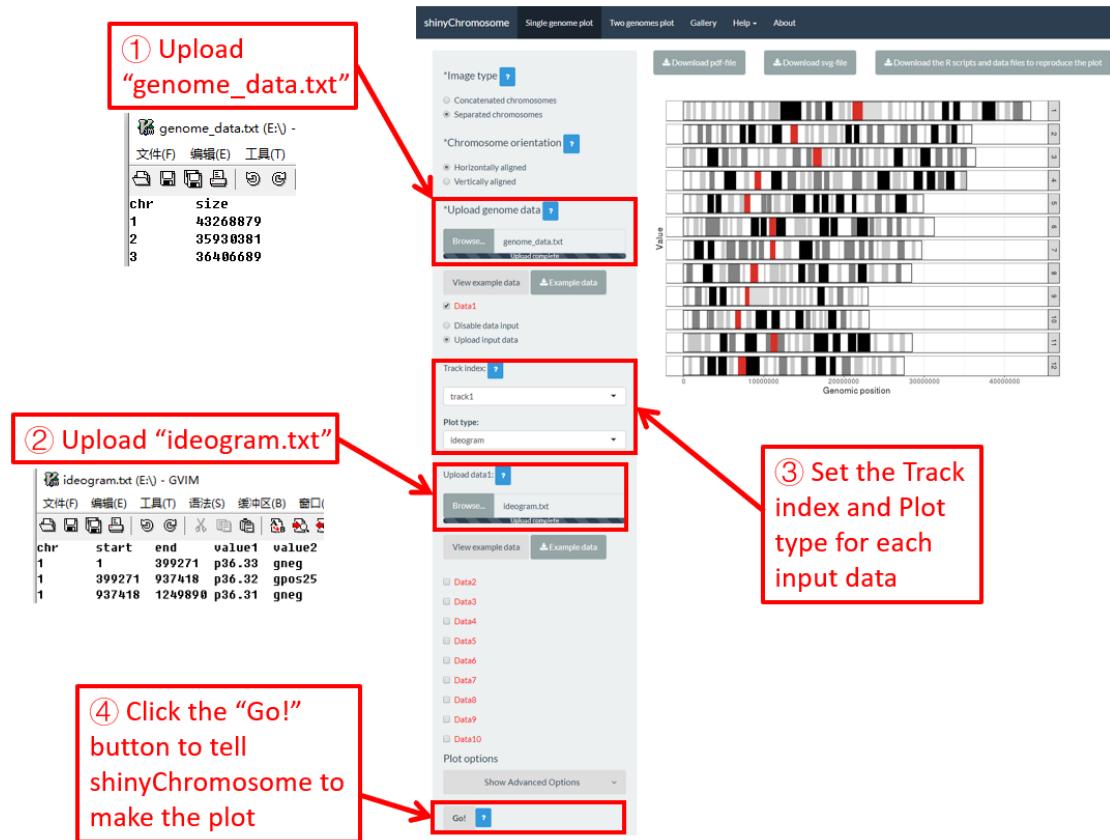


图 29. 使用 shinyChromosome 绘制 ideogram 的过程。

4.7 利用 shinyChromosome 整合多个输入数据集创建高级单基因组图型

在第 4.6 节中，我们演示了使用 shinyChromosome 创建不同类型单基因组图的过程。为了简单起见，我们在第 4.6 节的每个示例中只创建一种类型的绘图。实际上，shinyChromosome 可以接受多达 10 个输入数据集来创建复杂的单基因组图形。每个输入数据集可用于创建 12 种不同类型的绘图中的任意一种。现在，我们使用 shinyChromosome 的“Gallery”菜单中提供的示例数据集“Example 1”演示使用 shinyChromosome 创建高级单基因组图的过程(图 30)。

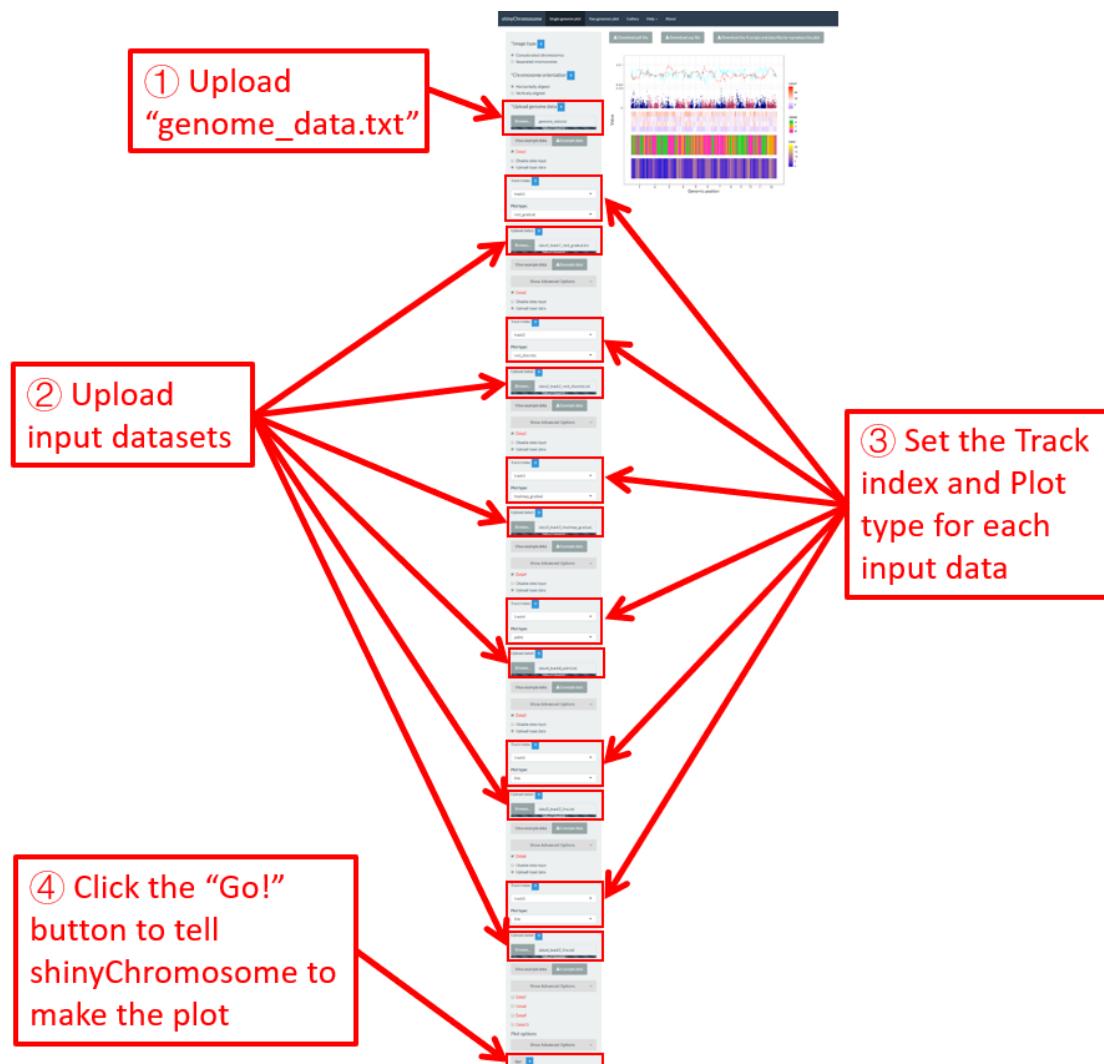


图 30. 使用 shinyChromosome 创建具有多个输入数据集的高级单基因组图形的过程。

一共有 6 个输入数据集分布在最终生成的图的 5 个轨道中。图 30 显示了 6 个输入数据集的上传过程以及每个数据集的轨道和绘图类型的设置。除了在图 30 中演示的过程之外，其他很多选项也被调整用来创建最终的图形，包括图形图例的显示、图形主题的设置和每个轨道的大小。这些选项的设置如图 31 所示。

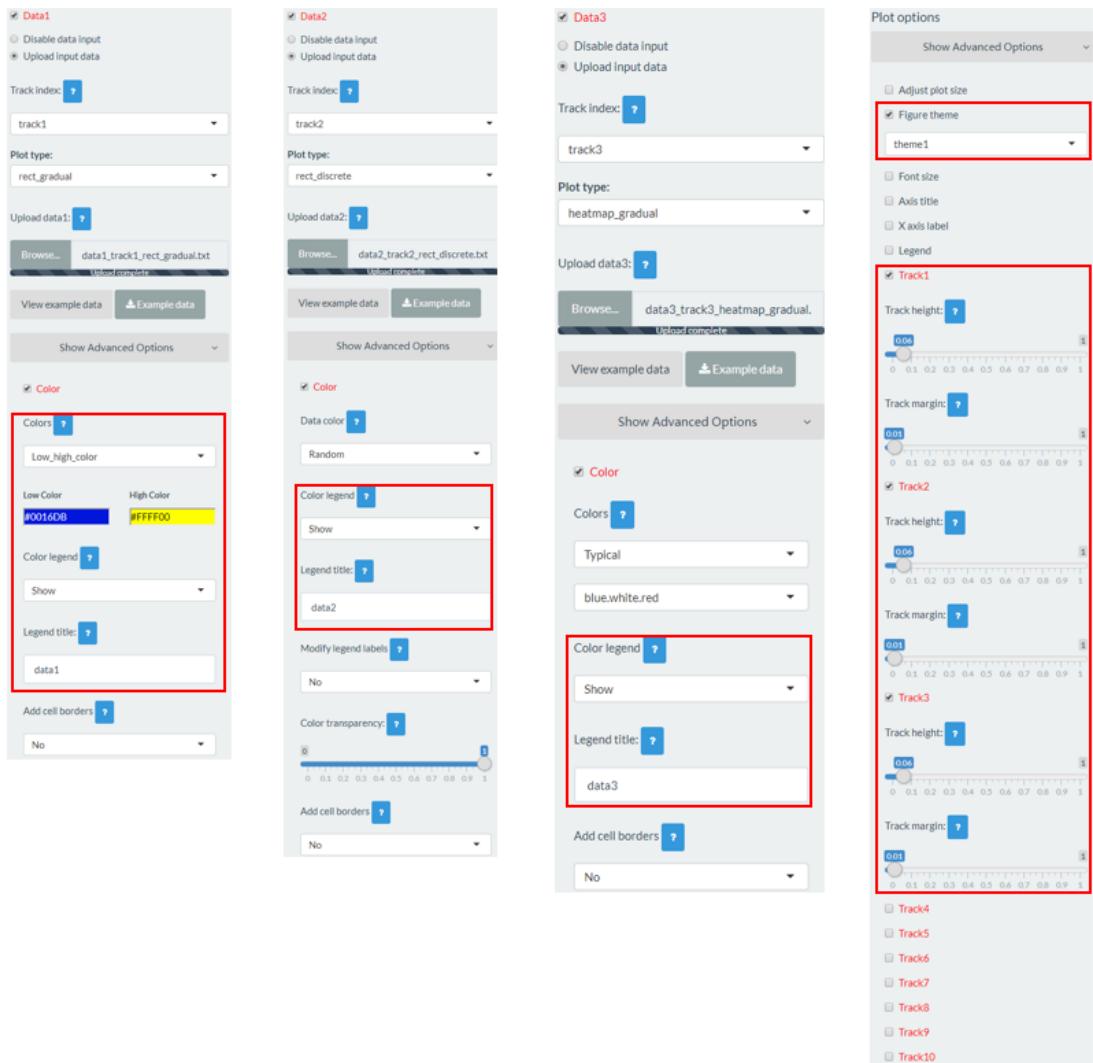


图 31. 使用 shinyChromosome 装饰图 30 中创建的图形的各种选项的设置。

4.8 修饰单个基因组图形的绘图选项

在“Single-genome plot”菜单的左侧面板中的每个“DataX”复选框下，提供了各种小部件来装饰生成的单基因组图的外观。下面将演示其中一些选项的设置。

4.8.1 相连的染色体 v.s. 分离的染色体

单个基因组图形中的所有染色体可以按顺序连接在一起，也可以通过在“Single-genome plot”菜单的左面板顶部“Image type”小部件设置为分离在不同的面板中。对于 shinyChromosome 应用程序的“Gallery”菜单中显示的“Example 10”和“Example 12”，输入数据集是相同的。在“Example 10”所示的图中，所有染色体按顺序连接，而在“Example 12”所示的图中，所有染色体分离在不同的面板中。**图 32 和图 33** 分别演示了创建“Example 10”和

“Example 12”中所示图形的过程和选项设置。

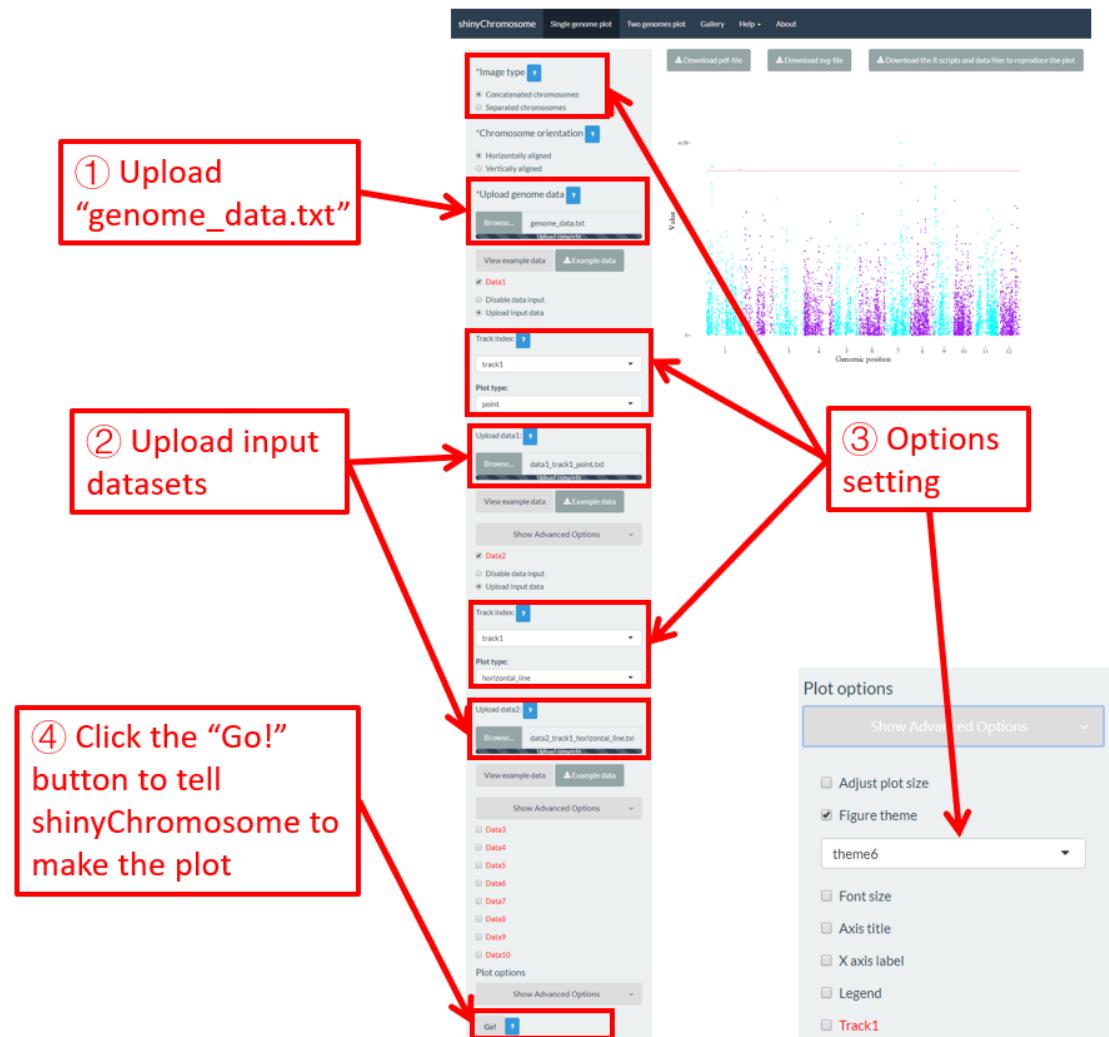


图 32. 使用“Gallery”菜单中“Example 10”的输入数据集创建的所有染色体连在一起的单基因组图形。

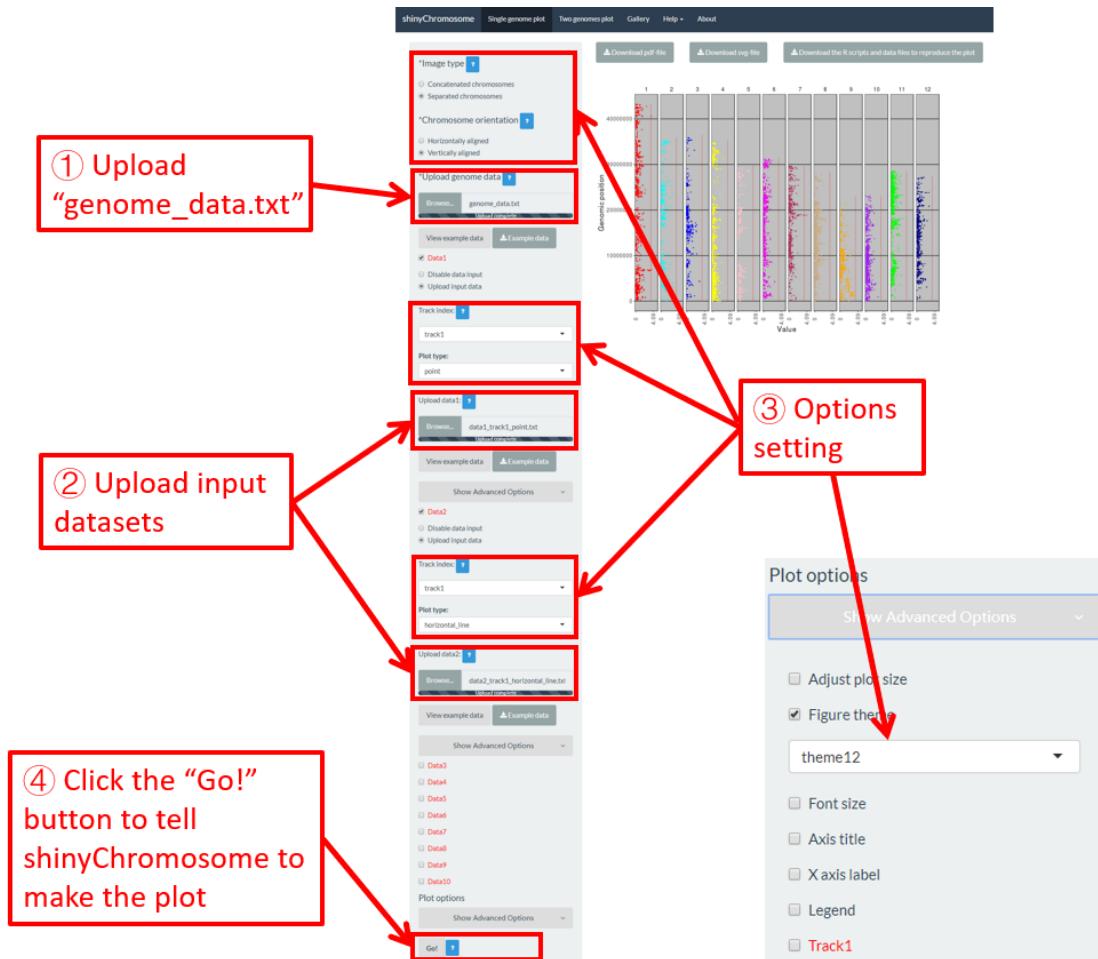


图 33. 使用“Gallery”菜单中“Example 12”的输入数据集创建的所有染色体不相连的单基因组图形。

4.8.2 水平排列的染色体 v.s. 垂直排列的染色体

通过设置“Single-genome plot”菜单左侧面板顶部的“Chromosome orientation”小部件，可以设置使得单个基因组图中的所有染色体沿水平轴对齐，也可以使其沿垂直轴对齐。对于 shinyChromosome 应用程序的“Gallery”菜单中显示的“Example 10”和“Example 12”，输入数据集是相同的。在“Example 10”所示的图中，所有染色体沿水平轴对齐，而在“Example 12”所示的图中，所有染色体沿垂直轴对齐。**图 32 和图 33 分别演示了创建“Example 10”和“Example 12”中所示图形的过程和选项设置。**

4.8.3 设置点的颜色、大小和形状

对于点图，我们可以使用“Single-genome plot”菜单左侧面板中提供的小部件修改点的颜色、点的大小和点的形状。在这里，我们使用“Gallery”菜单中显示的“Example 17”的输入数

据集来演示这些小部件。

默认情况下，点的颜色是系统随机设置的、点的大小和形状是系统预定义的，如图 34 所示。如果要更改点的颜色、点的大小或点的形状，可以在“Color”、“Symbol”和“Size”复选框下编辑这些小部件的默认值，如图 35 所示。

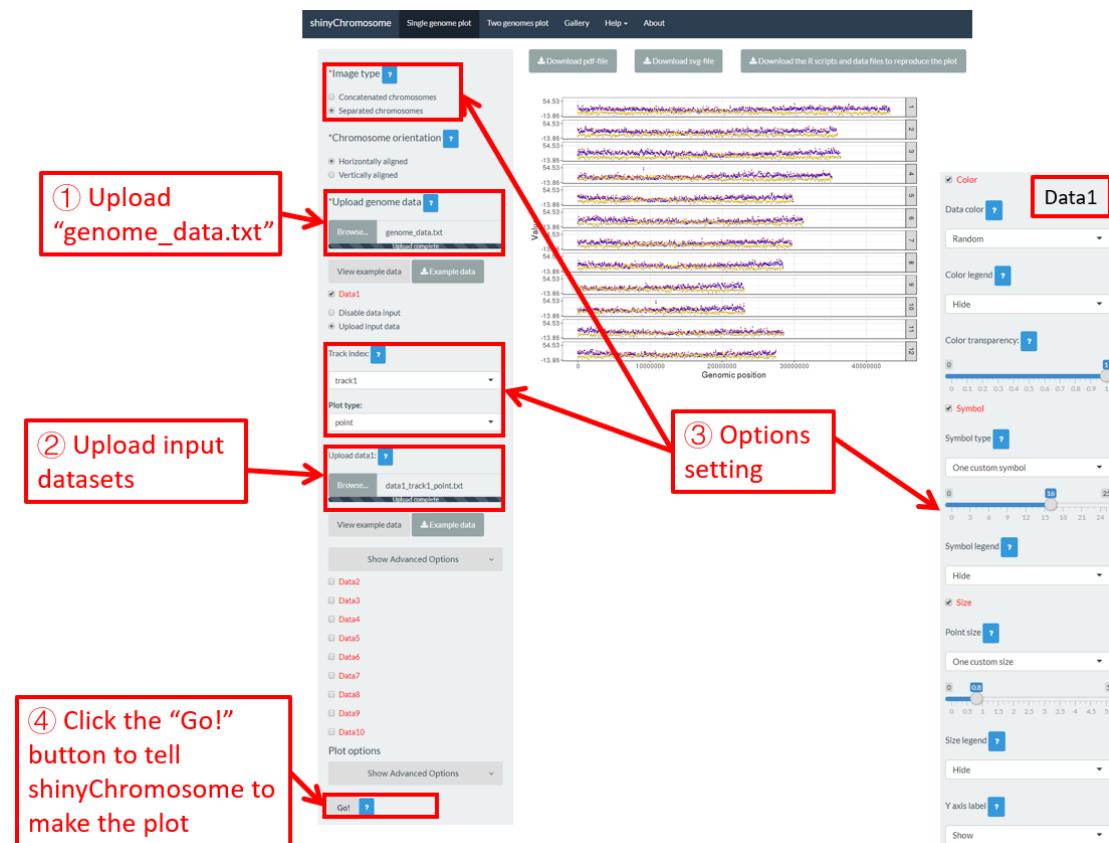


图 34. shinyChromosome 中点的颜色、点的形状和点的大小的默认设置。

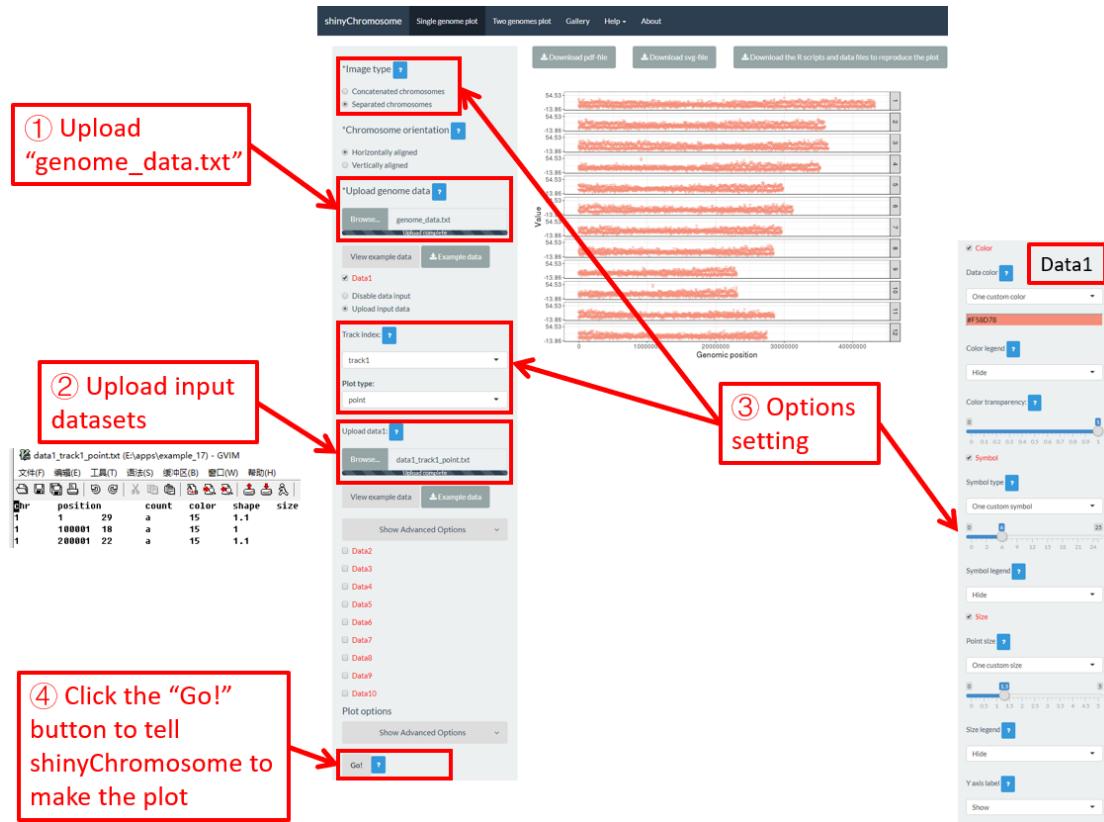


图 35. 在 shinyChromosome 中使用不同控件设置点的颜色、点的形状和点的大小。

实际上，“Example 17”的输入数据集包含一个“color”列、“shape”列和“size”列，用于指定点的颜色、形状和大小。要使用输入数据集中的“color”、“shape”和“size”设置点的颜色、形状和大小，需要在“Color”、“Symbol”和“Size”复选框下设置小部件的值，如图 36 所示。

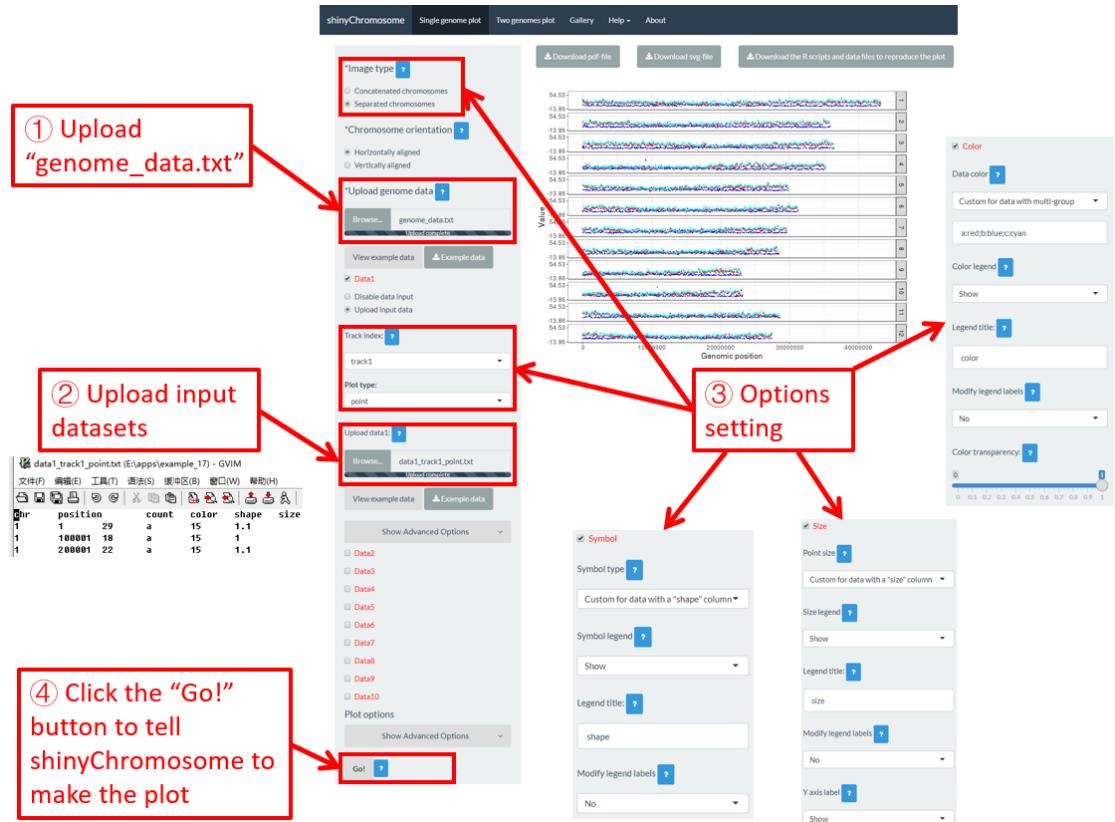


图 36. 使用 shinyChromosome 中输入数据集的“color”、“symbol”和“size”列设置点的颜色、形状和大小。

4.8.4 为多个数据集设置矩形图的颜色

对于离散型矩形图，我们可以使用“Single-genome plot”菜单左侧面板中提供的小部件设置属于不同组的矩形的颜色。在这里，我们使用“Gallery”菜单中展示的“Example 37”的输入数据集来演示这些小部件。一共上传了三个输入数据集，生成了“Example 37”中的离散型矩形图。每个数据集的第四列是一个“color”列，用于定义每个基因组区域的组别，不同的组将设置为不同的颜色。默认情况下，颜色的分配是随机的，如图 37 所示。如果要设置不同数据组的颜色，可以使用每个数据集对应的“color”小部件。该过程如图 38 所示，包括各种选项的设置。

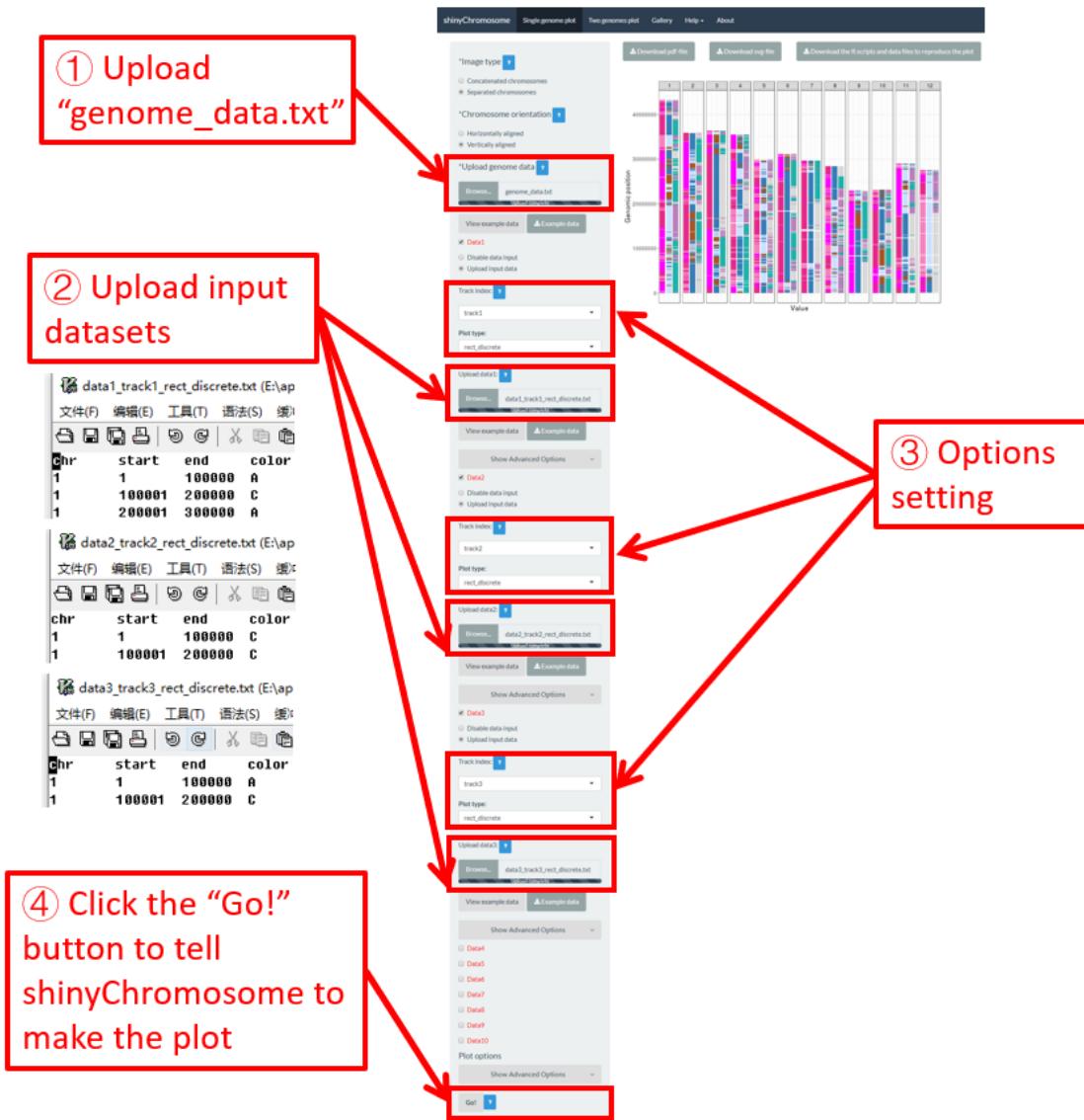


图 37. shinyChromosome 中矩形颜色的默认设置。

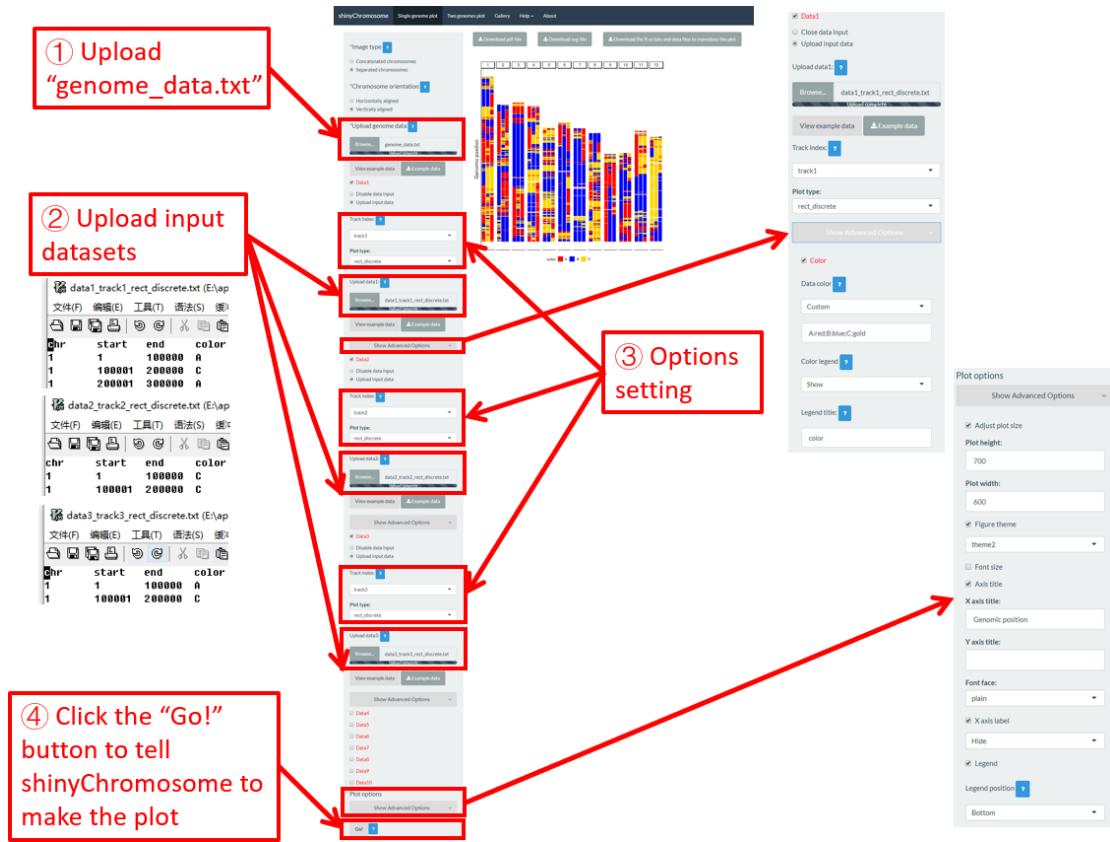


图 38. 使用 shinyChromosome 中输入数据集的“color”列设置矩形颜色。

5. 利用 shinyChromosome 来绘制非圆形双基因组图形

为了绘制非圆形双基因组图形，您需要使用 shinyChromosome 应用程序的“Two-genome plot”菜单。**创建双基因组图形需要三个数据集。第一个数据集**定义了沿水平轴排列的基因组的长度。**第二个数据集**定义了沿垂直轴排列的基因组的长度。**第三个数据集**是用于创建双基因组图的主数据集。在下一节中，我们将演示使用 shinyChromosome 和示例数据集绘制非圆双基因组图形的所有基本步骤。

5.1 绘制非圆双基因组图谱的基本步骤

步骤 1. 准备并上传沿水平轴排列的基因组数据文件

基因组数据文件的格式与第 4.1 节所示的基因组数据格式是一样的。示例数据位于 https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/genome1_data.txt。这个示例数据集被用于绘制图 39 中所示的图形。这个输入文件应该选择“Two-genome plot”菜单左侧面板中的“Upload genome1 data”控件来进行上传。

步骤 2. 准备并上传沿垂直轴排列的基因组数据文件

基因组数据文件的格式与第 4.1 节所示的基因组数据格式是一样的。示例数据组位于 https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/genome2_data.txt。这个示例数据集被用于绘制图 39 中所示的图形。步骤 1 和步骤 2 中使用的输入文件可以是相同的文件，也可以是不同的文件。此输入文件应该选择“Two-genome plot”菜单左侧面板中的“Upload genome2 data”控件来进行上传。

Step 3. 准备并上传主数据集

用于创建“Two-genome plot”的主数据集的详细文件格式在 shinyChromosome 应用程序的“Input data format”菜单中有详细描述。在这里，我们使用示例数据集 “point_gradual.txt” (https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/point_gradual.txt) 来绘制图 39 中所示的图形。

Step 4. 设置主数据集的绘图类型

绘图类型应被设置成“point_gradual”(图 39)。

Step 5. 点击“Go!”按钮来进行绘制

在所有输入数据集成功上传到 shinyChromosome 应用程序之后，我们需要单击“Two-genome plot”菜单左侧底部的“Go!”按钮来让 shinyChromosome 绘制图形(图 39)。图 39 中的

主面板中显示的图是使用步骤 1、步骤 2 和步骤 3 中上传的数据集而生成的图。默认情况下，在绘制图形时，shinyChromosome 使用的是随机颜色或是系统预定义的颜色。当您通过左面板中提供的各种小控件修改任何选项或输入文件时，记得点击“Go!”按钮来更新绘图结果。

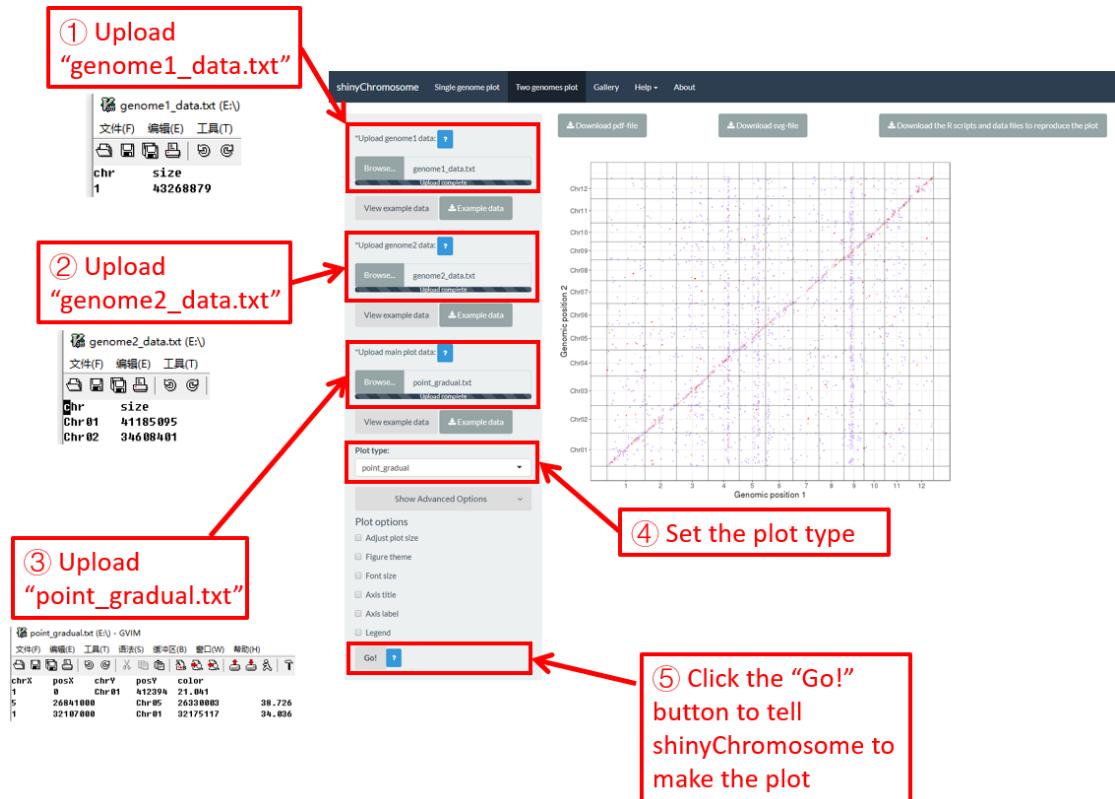


图 39. 使用 shinyChromosome 绘制双基因组图的基本步骤。

5.2 利用 shinyChromosome 绘制不同类型的双基因组图谱

使用 shinyChromosome 总共可以创建 5 种不同类型的图形，包括渐变类型的点、离散类型的点、线段、渐变类型的矩形和离散类型的矩形。要创建双基因组图，至少需要三个输入数据文件。在 shinyChromosome 应用程序的“Input data format”菜单（在“Help”菜单下）中演示了用于绘制双基因组图的输入文件的详细格式。在这一节中，我们将演示使用 shinyChromosome 的图形界面和示例输入数据集绘制不同类型的双基因组图的关键参数。本节中使用的两个示例基因组数据文件与 5.1 节中使用的文件相同。
https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/genome1_data.txt

https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/genome2_data.txt).

5.2.1 渐变类型的点

输入数据集应包含 5 列。

第 1 列：沿水平轴排布的基因组的染色体 ID。

第 2 列：沿水平轴排布的基因组中的位置。

第 3 列：沿垂直轴排布的基因组的染色体 ID。

第 4 列：沿垂直轴排布的基因组中的位置。

第 5 列：定义每个点的值的数值向量。

使用 shinyChromosome 绘制渐变类型的点的过程如图 39 所示。

5.2.2 离散类型的点

输入数据集应包含 5 列。

第 1 列：沿水平轴排布的基因组的染色体 ID。

第 2 列：沿水平轴排布的基因组中的位置。

第 3 列：沿垂直轴排布的基因组的染色体 ID。

第 4 列：沿垂直轴排布的基因组中的位置。

第 5 列：定义每个点的类别的字符向量。

这里，我们使用 shinyChromosome 应用程序源代码中提供的示例数据集“point_discrete.txt”

(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/point_discrete.txt) 来展示 shinyChromosome 绘制离散类型的点的过程，如图 40 所示。

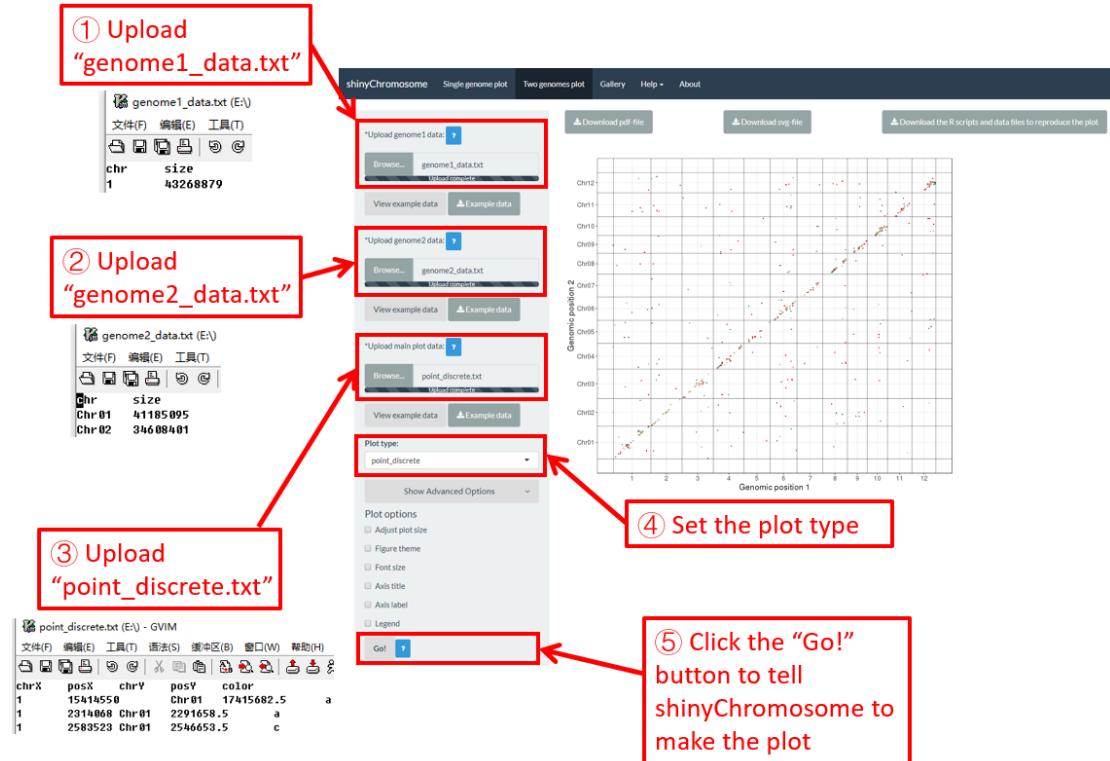


图 40. 用 shinyChromosome 绘制离散类型的点的过程。

5.2.3 线段

数据集应包含 ≥ 6 列。在最简单的情况下，数据集应该包含6列，列的顺序是固定的。

第1列：沿水平轴排布的基因组的染色体ID。

第2列：线段的X轴起始坐标。

第3列：线段的X轴结束坐标。

第4列：沿垂直轴排布的基因组的染色体ID。

第5列：线段的Y轴起始坐标。

第6列：线段的Y轴结束坐标。

这里，我们使用 shinyChromosome 应用程序源代码中提供的示例数据集“segment.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/wo_genome/segment.txt) 来展示 shinyChromosome 绘制线段的过程，如图 41 所示。

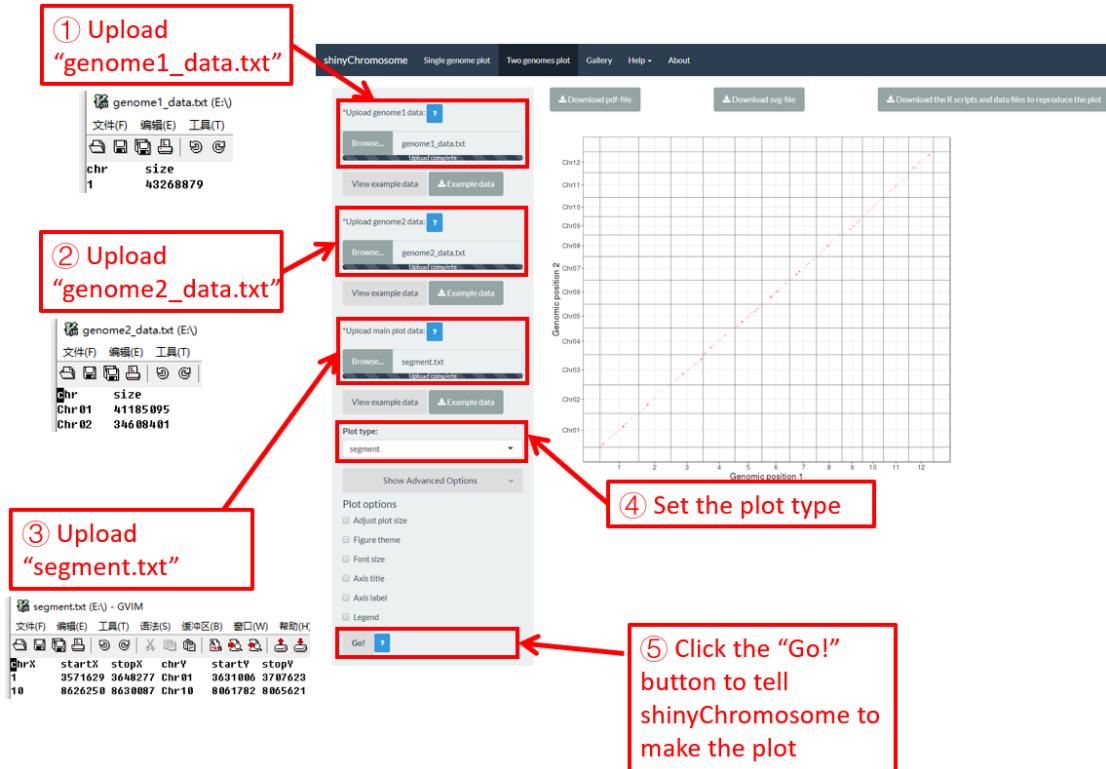


图 41. 用 shinyChromosome 绘制线段的过程。

5.2.4 渐变类型的矩形

数据集应包含顺序固定的七列。

第 1 列：沿水平轴排布的基因组的染色体 ID。

第 2 列：矩形的 X 轴起始坐标。

第 3 列：矩形的 X 轴结束坐标。

第 4 列：沿垂直轴排布的基因组的染色体 ID。

第 5 列：矩形的 Y 轴起始坐标。

第 6 列：矩形的 Y 轴结束坐标。

第 7 列：定义每个矩形值的数值向量。

这里，我们使用 shinyChromosome 应用程序源代码中提供的示例数据集“rect_gradual.txt”
[\(\[https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/rect_gradual.txt\]\(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/rect_gradual.txt\)\)](https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/two_genome/rect_gradual.txt) 来展示 shinyChromosome 绘制渐变类型的矩形的过程，如图 42 所示。

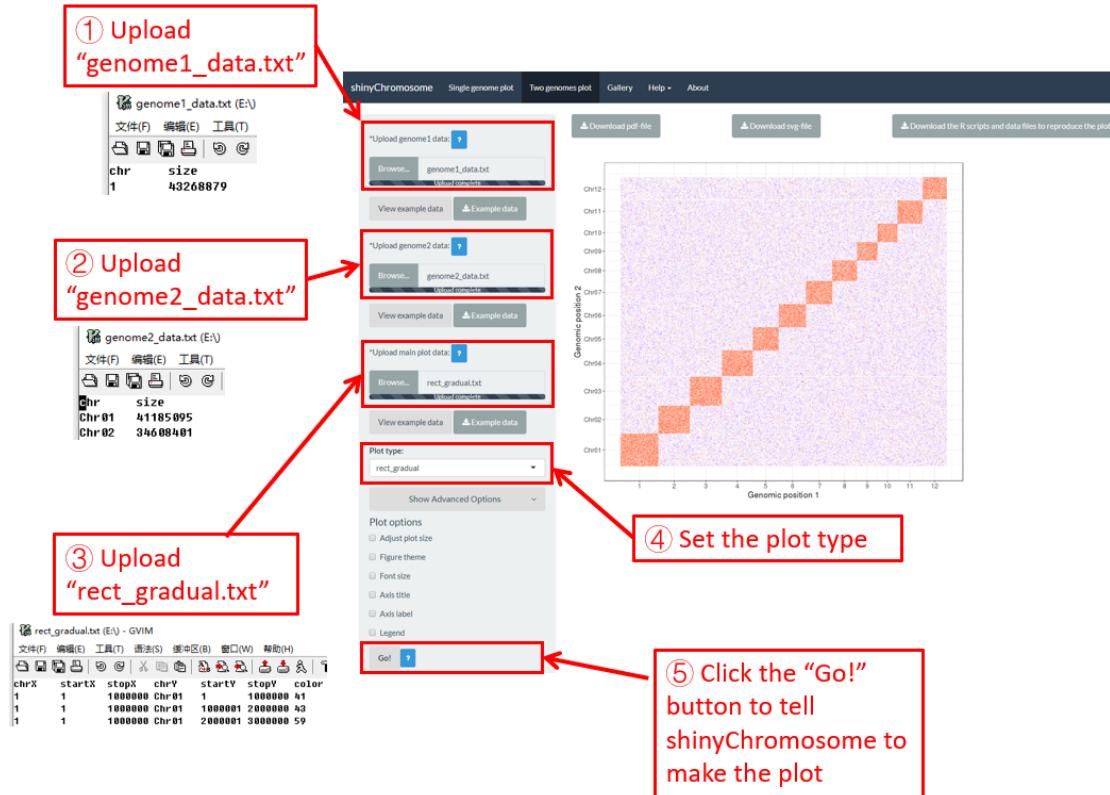


图 42. 用 shinyChromosome 绘制渐变类型的矩形的过程。

5.2.5 离散类型的矩形

数据集应包含顺序固定的七列。

第 1 列：沿水平轴排布的基因组的染色体 ID。

第 2 列：矩形的 X 轴起始坐标。

第 3 列：矩形的 X 轴结束坐标。

第 4 列：沿垂直轴排布的基因组的染色体 ID。

第 5 列：矩形的 Y 轴起始坐标。

第 6 列：矩形的 Y 轴结束坐标。

第 7 列：定义每个矩形组别的字符向量。

这里，我们使用 shinyChromosome 应用程序源代码中提供的示例数据集“rect_discrete.txt”(https://github.com/venyao/shinyChromosome/blob/master/www/data/download_example_data/wo_genome/rect_discrete.txt) 来展示 shinyChromosome 绘制离散类型的矩形的过程，如图 43 所示。

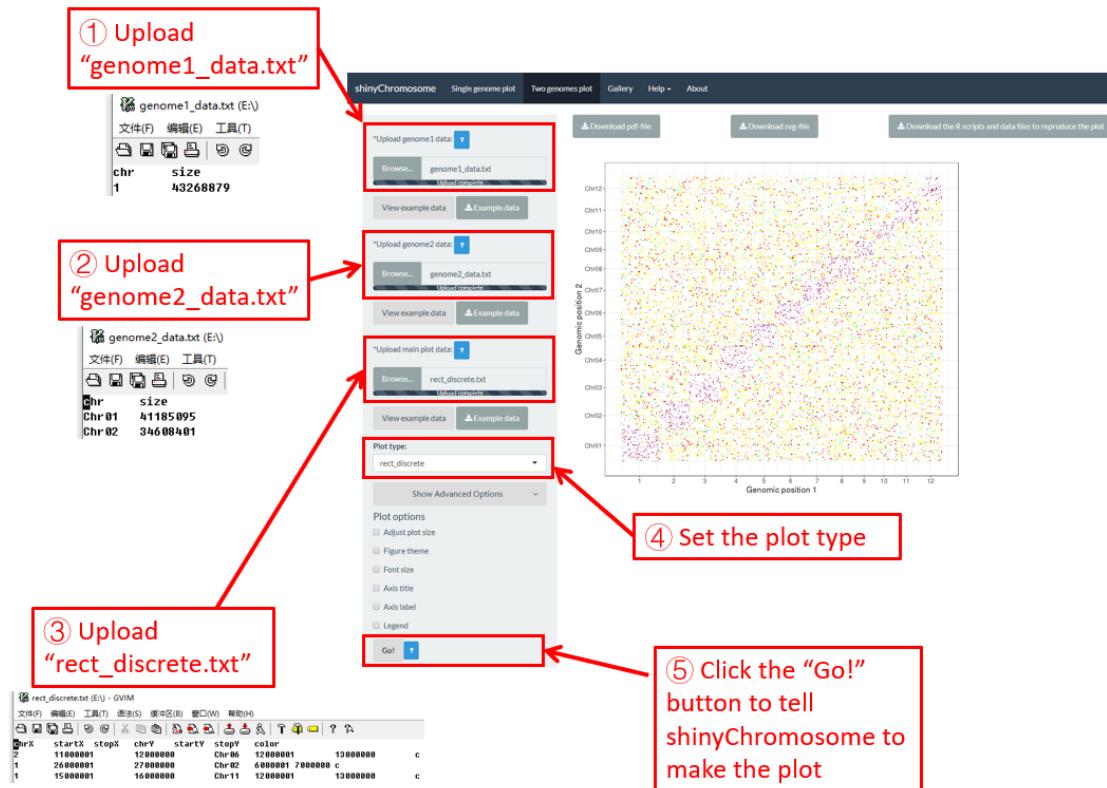


图 43. 用 shinyChromosome 绘制离散类型的矩形的过程。

6. 修改由 shinyChromosome 绘制的非圆形全基因组图形的外观

在“Single-genome plot”和“Two-genome plot”菜单的左侧面板中提供了许多小控件来修改使用 shinyChromosome 绘制的图的外观，包括图的大小、图的主题、字体大小、坐标轴标题、坐标轴标签和图例等。

6.1 图形大小

用户可以使用“Single-genome plot”菜单左侧面板底部的“Show advanced options”小控件下的“Adjust plot size”小部件调整单个基因组图形的高度和宽度。浏览器中和下载的 PDF/SVG 格式文件中的图形大小都会受到影响。在这里，我们使用第 4.6.1 节中演示的示例数据集来展示此功能。单个基因组图的默认高度和宽度分别为 550 和 750，在图 44 中修改为 250 和 800。最后，我们需要点击“Go!”按钮来让 shinyChromosome 更新所绘制的图形。

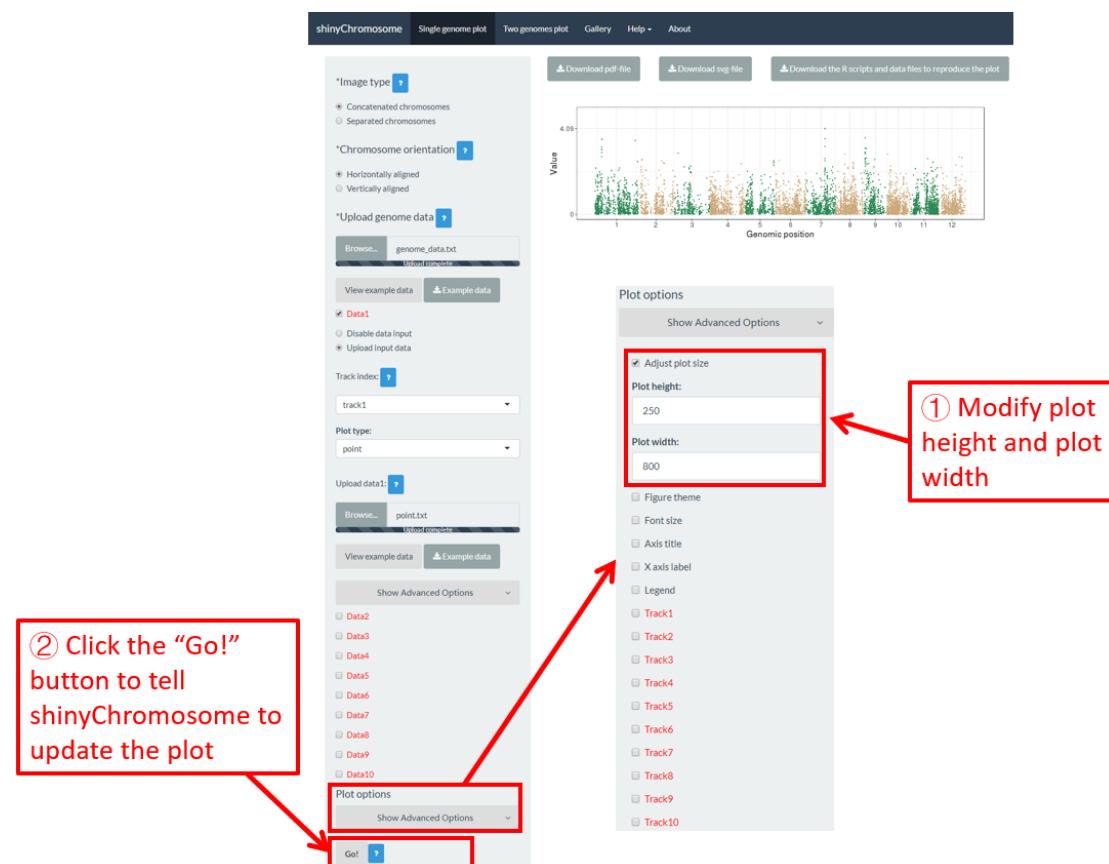


图 44. 利用 shinyChromosome 修改单个基因组图形的高度和宽度的过程。

6.2 图的主题

shinyChromosome 使用 ggplot2 作图系统作为引擎绘制单基因组图型和双基因组图形。

ggplot2 包提供了许多选项来调整使用 ggplot2 绘制的图形的外观。具有预定义值的一组选项在 ggplot2 中称为图形主题。可以通过单个命令更改使用 ggplot2 所生成绘图的总体外观。ggthemes 是一个 R 包，它包含数十个不同的主题，用于调整使用 ggplot2 所绘制的图形外观。ggthemes 安装包提供的所有主题都可以在 <https://yutannihilation.github.io/allYourFigureAreBelongToUs/ggthemes/> 上找到。ggthemes 包被用于修饰 shinyChromosome 绘制的单基因组图形和双基因组图形的外观。在这里，我们使用 4.6.1 节中演示的示例数据集来展示此功能。单基因组图形的默认图形主题是 shinyChromosome 中的“theme1”，在图 45 中被修改为“theme18”。最后，我们需要单击“Go!”按钮让 shinyChromosome 更新所绘制的图形。

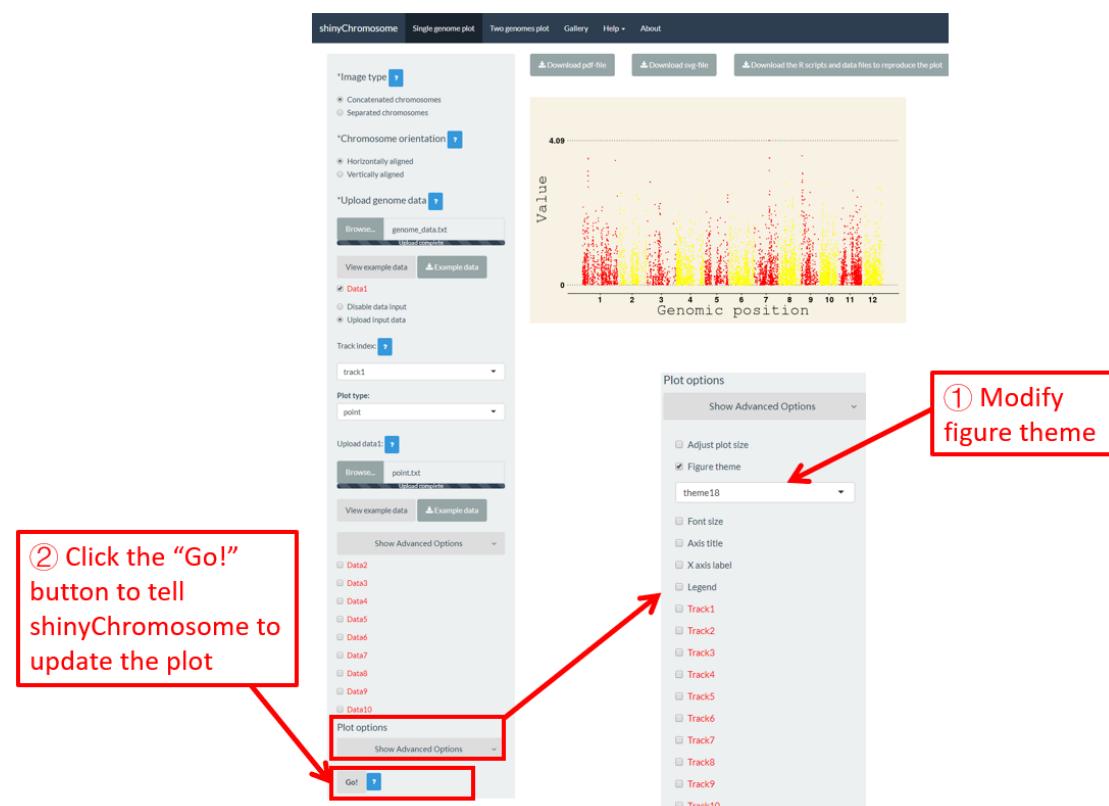


图 45. 使用 shinyChromosome 修改单基因组图形的主题的过程。

6.3 字体大小

“Single-genome plot” 和“Two-genome plot”菜单左侧面板底部的“Font size”小控件可用于调整使用 shinyChromosome 绘制的图形中的字体大小，包括坐标轴标题的字体大小和坐标轴刻度标签大小。在这里，我们使用 4.6.1 节中演示的示例数据集来展示此功能。默认字

体大小为 16，在图 46 中被修改为 30。最后，我们需要单击“Go!”按钮让 shinyChromosome 更新所绘制的图形。

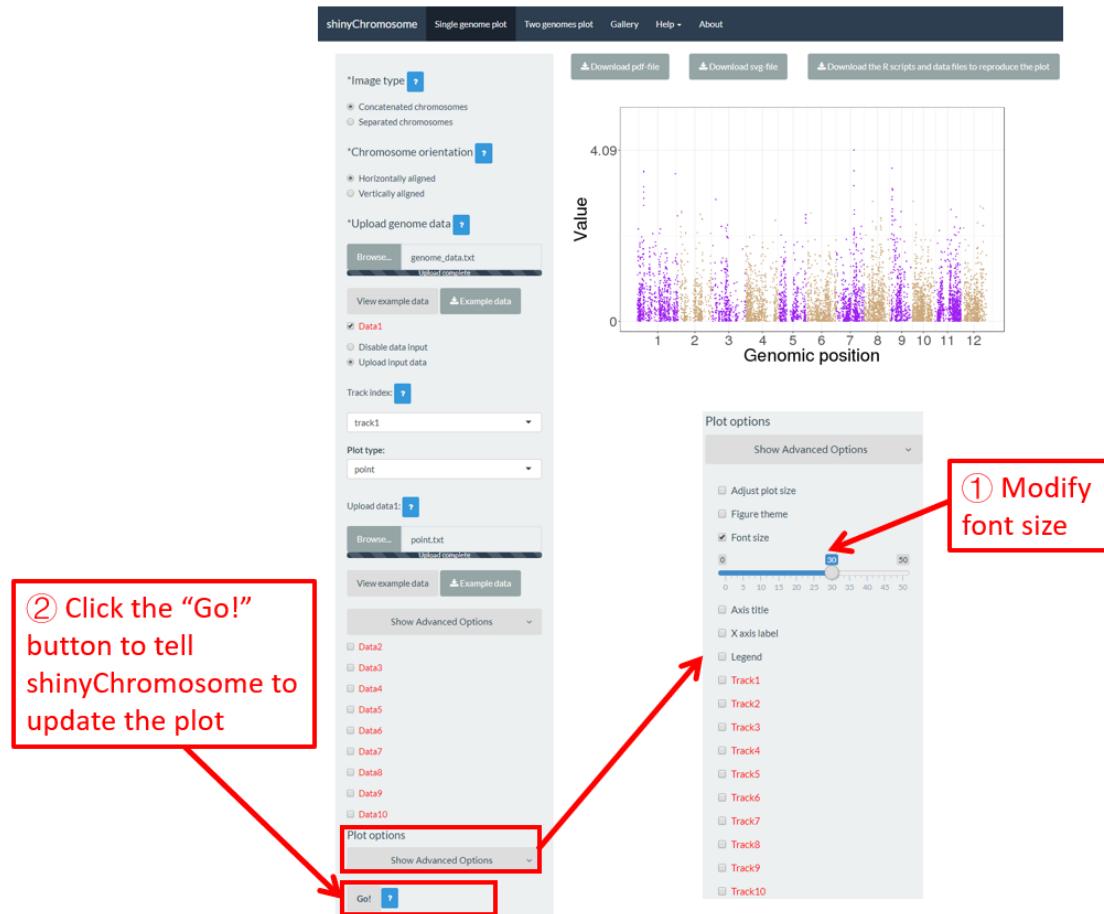


图 46. 使用 shinyChromosome 修改单基因组图形的字体大小的过程。

6.4 坐标轴标题

“Single-genome plot”和“Two-genome plot”菜单左侧面板底部的“Axis title”小控件可用于调整使用 shinyChromosome 绘制的图的坐标轴标题，包括 X 轴标题、Y 轴标题和坐标轴标题的字体。在这里，我们使用第 4.6.1 节中演示的示例数据集来展示此功能。默认的坐标轴标题在图 47 中进行了修改。最后，我们需要点击“Go!”按钮让 shinyChromosome 更新所绘制的图形。

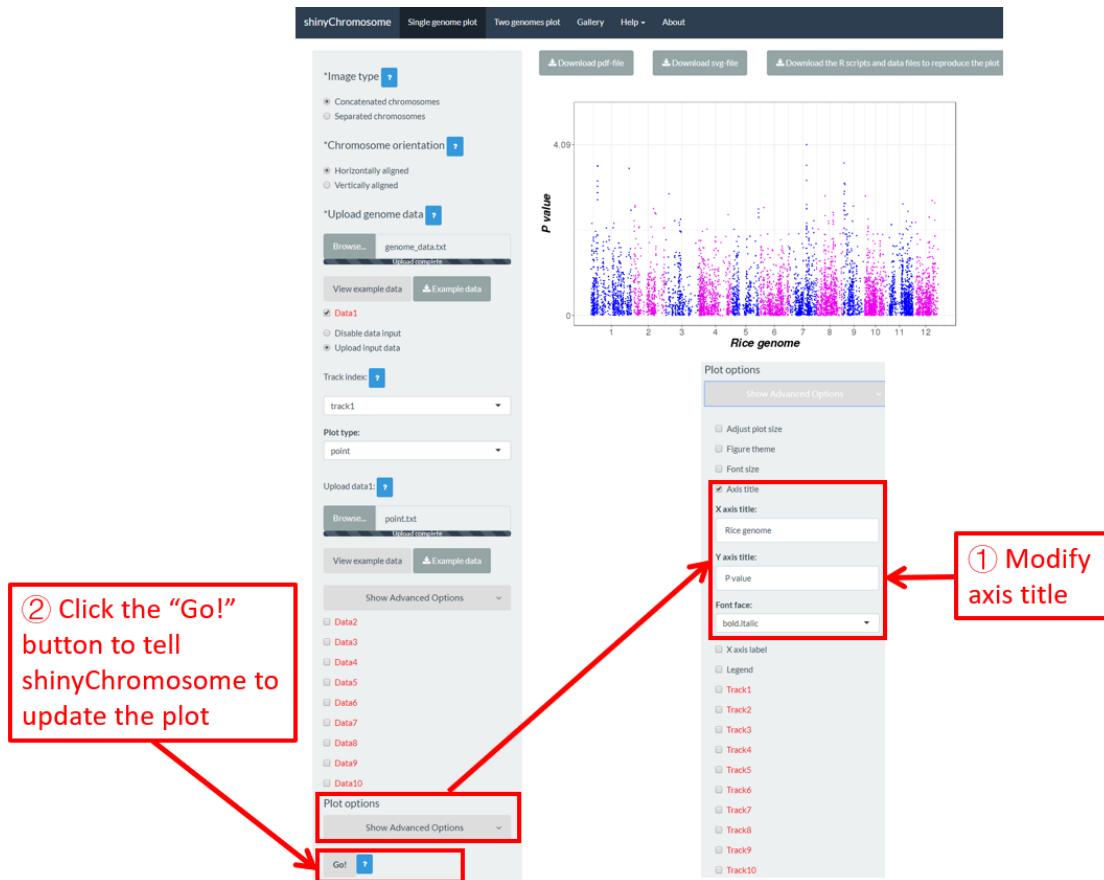


图 47. 利用 shinyChromosome 来修改单基因组图形的坐标轴标题的过程。

6.5 图例

可以添加一个或多个图例来注释点的颜色、点的大小、点的形状、柱状图的颜色、热图的颜色等。默认情况下，不会将图例添加到使用 shinyChromosome 绘制的图形中。要添加图例，需要用户在“DataX”复选框下设置“Advanced options”。例如，要添加颜色图例，我们需要在相应的“DataX”复选框的“Advanced options”中将“Color legend”小控件的值设置为“Show”(图 48)。

图例可以放在非圆形全基因组图形的右侧或底部。在“Single-genome plot”菜单的左侧面板底部总共提供了 7 个小控件，用于调整生成的图中所添加的图例的外观。这些小控件的含义如下所示。

Legend position: 放置图例的位置。

Legend region size: 图例大小相对于主画图区域的百分比。适用值为[0-1]中的数字。

Intra-spacing: 不同图例之间的内部间距。

Title font size: 图例标题的字体大小。

Title font face: 图例标题的字体。

Label font size: 图例刻度标签的字体大小。

Label font face: 图例刻度标签的字体。

在这里，我们使用“Gallery”菜单中显示的“Example 17”的输入数据集来展示这些小控件（图 48）。

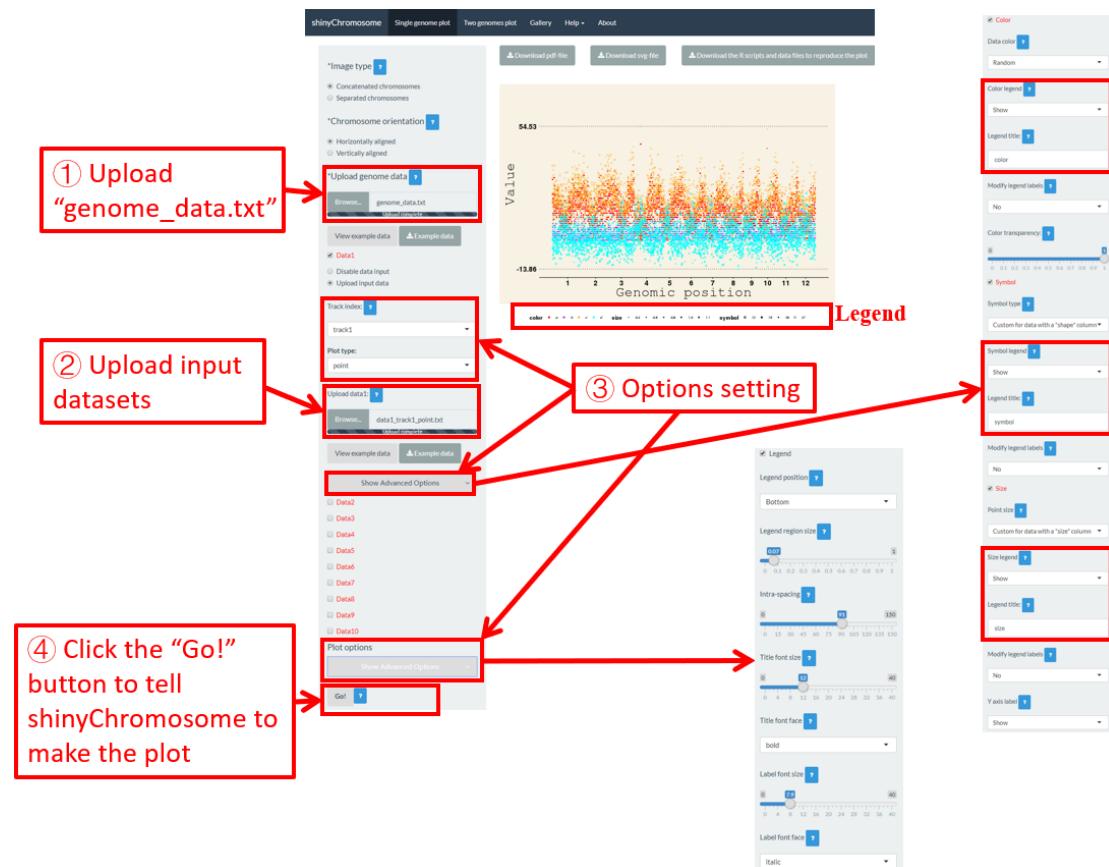


图 48. 使用 shinyChromosome 将图例添加到单个基因组图形底部的过程。

6.6 不同轨道的高度和宽度

对于单基因组图形，我们可以修改每个轨道的高度和边距大小，以调整生成的图中每个轨道的大小。在这里，我们使用第 4.1 节中的输入数据集来展示这些选项的设置(图 49)。

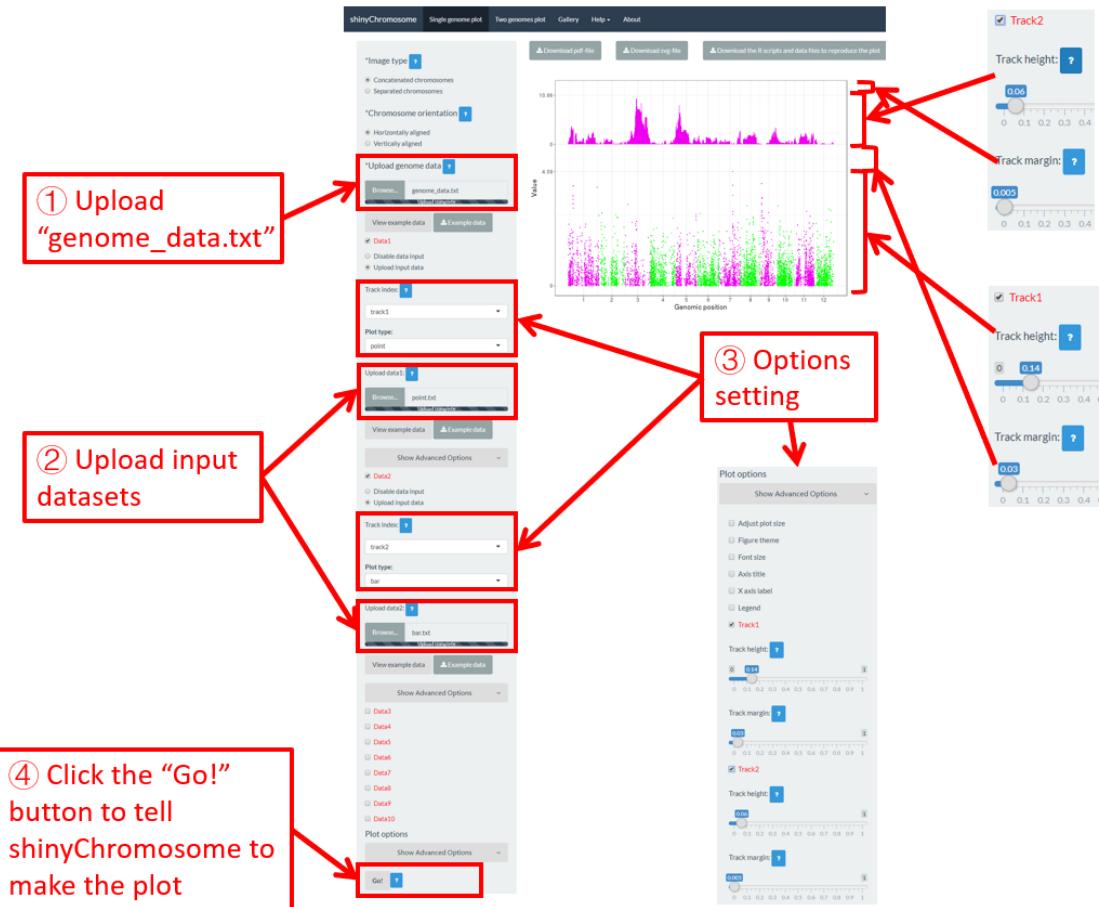


图 49. 使用 shinyChromosome 修改单基因组图形的每个轨道的高度和边距大小的过程。