wormshape_viewer/appR 使用法

ライブラリ Shiny、colorRamps, EBImage を使うのでインストールしておく (初回だけに必要な作業)。 R の コ ン ソ ー ル か ら install.packages("shiny") 、 install.packages('colorRamps') 、 install.packages("BiocManager")、BiocManager∷install("EBImage")でインストールできるはず。

- 1) プレートごとにフォルダを用意し、それぞれに、軌跡のデータと輪郭のデータがひとつずつ入った形にしておく。軌跡データファイルの名前は共通にし、輪郭データファイルの名前も同じにする。プレートごとの名前はフォルダで区別する(あるいは同じフォルダにすべてのデータを入れることもできる。TrackAnalyzer 使用法 1.3 参照)。
- 2) TrackAnalyzer1.3.r で軌跡データと輪郭データを読み込む。(TrackAnalyzer 使用法 1.3 参照)
- 3) ボックスにすべてチェックを入れて Execute selected commands を実行。
- 4) Diffusion simulator データを読み込む。
- 5) calc.C を行う。
- 6) calc.Bearing を行う。

(念のため一度データを.RData 形式で保存してもよい。)

- 7) 以上の処理によりデータがそろっている状態から、App_prepare_turns.r を走らせる。source で読み込んだのちに、App_prepare_turns(turn.select="T1",anglebin=2)を入力して実行。おわると自動的にturns.RData として一部のデータが保存される。このスクリプトはWormtrack viewer (App.r) で表示するターンイベントを選択するもの。T1 を指定するとピルエットの中の最初のターンだけを表示する。さらに、anglebin を指定すると、T1 ターン直後のBearing が一定範囲内のターンだけが表示される。
- 8) さらに、アプリでの表示を高速化するため、予め線虫の姿勢の情報を解析しておくとよい。上と同様に calc.Roundness.r を読み込んで calc.Roundness()で走らせる。作られたデータ(Roundnessと Area)は Roundness.RData に保存される。
- 9) R コンソールから save.image()または"作業スペースの保存"で全データを保存しておくとよい。次回 以降はこのデータをロードするか、 6) で作ったファイルをロードした上で turns.RData、Roundness.RDataをロードして用いる。なお、後者がなくても、表示に時間がかかるだけで問題はない。
- 10) データがロードされている状態で、作業フォルダ上に App.r が存在する状態で R コンソールから $\sinh y$: runApp()と入力するとビューアが起動する。
- 11) ターンの番号(最初は1)が左上のボックスに表示される。表示させたいターンの番号を入力することができる。(新しいターンの表示には少し時間がかかる)。あるいは、次の番号、あるいは前の番号をnext, previous ボタンで選択する。random を押すとランダムに選択される。