

# **LDBlockShow**

## **使用手册**

Visualizing linkage disequilibrium and haplotype blocks based on variant call format files  
基于 VCF 文件快速生成连锁不平衡和单体型图

Version 1.35

2020-09-07

[hewm2008@gmail.com](mailto:hewm2008@gmail.com) / [hewm2008@qq.com](https://hewm2008.qq.com)

# 目录

LDBlockShow 使用手册.....	1
1.简介 .....	1
2. 下载与安装 .....	1
2.1 下载网址 .....	1
2.2 预先安装 .....	1
2.3 安装 .....	1
3. 参数说明.....	2
3.1 LDBlockShow .....	2
3.1.1 主要参数.....	2
3.1.2 其他参数.....	3
3.2 ShowLDSVG .....	4
3.2.1 简要参数.....	4
3.2.2 详细参数.....	4
3.3 输出文件 .....	6
4.实例 .....	7
4.1 实例 1 Heatmap + default block generated by PLINK.....	7
4.2 实例 2: Heatmap + block + GWAS .....	8
4.3 实例 3: Heatmap + block + GWAS + Annotation .....	9
4.4 实例 4: Heatmap + Annotation + GWAS plot similar to Locuszoom .....	10
5. 优势 .....	11
6.常见问题 .....	12
6.1 LDBlockShow 计算 LD 参数的方法 .....	12
6.2 除了 GWAS 分析结果外，可以输入其他统计结果吗? .....	13
6.3 得到的不是全三角图? .....	13
6.4 从 SVG 转 PNG 报错，转换失败? .....	13
6.5 如何显示 SNPs 的名字? .....	13
6.6 如何改变热图的颜色? .....	14
6.7 热图看起来跟 R 包 LDheatmap 的结果不太一样? .....	14
6.8 想要移动热图的位置? .....	14
6.9 LDBlockShow 支持家系数数据分析吗? .....	14
6.10 如何调节坐标轴字体大小? .....	14

# 1. 简介

LDBlockShow 主要用于基于 VCF 文件快速产生连锁不平衡 (LD) 热图 (热图内同时显示单体型范围)。比起其他类似工具, LDBlockShow 所用时间更短, 所需内存更小。LDBlockShow 可联合 GWAS 或者其他统计结果以及基因组注释文件一起联合作图。而且 LDBlockShow 支持子群体分析。对于单倍型/block 推断, LDBlockShow 主要适用于随机群体。

## 2. 下载与安装

### 2.1 下载网址

<https://github.com/BGI-shenzhen/LDBlockShow/>

### 2.2 预先安装

LDBlockshow 适用于 Linux/Unix/macOS 系统。在安装之前, 请先安装以下使用条件:

- 1) g++ : 推荐 g++ with --std=c++11 > 4.8+ (<https://gcc.gnu.org/>)
- 2) zlib : 推荐 zlib > 1.2.3 (<https://zlib.net/>)
- 3) Perl: Perl 内的模块 SVG.pm (<https://metacpan.org/release/SVG>)。可以预先安装。尽管我们安装包已经内置了 SVG.pm 包了

### 2.3 安装

使用者可采用以下三种方式来安装:

1)

```
git clone https://github.com/BGI-shenzhen/LDBlockShow.git
chmod 755 configure; ./configure;
make;
mv LDBlockShow bin/; # [rm *.o]
```

2)

```
tar -zxvf LDBlockShowXXX.tar.gz
cd LDBlockShowXXX;
cd src;
sh make.sh # or in Linux: make ; make clean
../bin/LDBlockShow
```

3) 对于 Linux/Unix 系统用户，如果编译失败，可向我们索取静态编译好的版本，可解压缩后直接运行。联系方式： hewm2008@gmail.com 或 hewm2008@qq.com。

Note: 如果 link 失败，可尝试重新安装 zip 库 (<https://zlib.net/>)。

Note: 对于 Mac 系统用户，如果 plink 运行失败，请重新下载 Mac 系统版本的 plink (<https://www.cog-genomics.org/plink2/>)，然后放到“LDBlockShowXXX/bin”文件夹下。

## 3. 参数说明

### 3.1 LDBlockShow

#### 3.1.1 主要参数

```
[heweiming@cngb-ologin-25 bin]$ ./bin/LDBlockShow
Usage: LDBlockShow -InVCF <in.vcf.gz> -OutPut <outPrefix> -Region chr1:10000-20000
```

-InVCF	<str>	Input SNP VCF Format
-OutPut	<str>	OutPut File of LD Blocks
-Region	<str>	In One Region to show LD info svg Figure
-SeleVar	<int>	Select statistic for deal. 1: D' 2: R^2 3/4:Both [1]
-SubPop	<str>	SubGroup Sample File List [ALLsample]
-BlockType	<int>	method to detect Block [beta] [1] 1. Block by PLINK (Gabriel method withed D') 2. Solid Spine of LD RR/D' 3. Blockcut with self-defined RR/D' 4. FixBlock by input blocks files 5. No Block
-InGWAS	<str>	InPut GWAS Pvalue File (chr site Pvalue)
-InGFF	<str>	InPut GFF3 file to show Gene CDS and name
-BlockCut	<float>	'Strong LD' cutoff and ratio for BlockType3 [0.85:0.90]
-FixBlock	<str>	Input fixed block region
-MerMinSNPNum	<int>	merger color grids when SNPnumber over N[50]
-help		Show more Parameters and help [hewm2008 v1.22]

-InVCF VCF 格式的输入文件

-OutPut 输出文件路径和文件名前缀 (e.g., /path/pop1)

-Region 产生热图的区域 (格式: chr:start:end)

-SeleVar 使用的 LD 参数 (1: D' 2: R^2; 3 或 4: 3 or 4: 两种 LD 参数都会输出), 默认 1. 当与 GWAS 图联合显示时, 如果用户想要在 GWAS 图中显示最显著 SNP (由

ShowLD SVG 内的-TopSite 指定) 和其他 SNPs 之间的 LD 关系: 使用 1 则热图和 GWAS 图均使用 D'; 使用 2 则热图和 GWAS 图均使用 R^2; 使用 3 则热图使用 D'而 GWAS 图使用 R^2; 使用 4 则热图使用 R^2 而 GWAS 图使用 D';

- SubPop           子群体分析的样本名称列表
- BlockType       Block 的定义方式。一共有四种, 默认的 1 是调用 PLINK<sup>1</sup>生成的, 其定义方式是根据 Gabriel *et al.*<sup>2</sup>发表的文章.2 是 solid spine of LD<sup>3</sup>, 即只考虑倒三角的边缘线上的 LD 情况。用户也可以选择 3 并联合“-BlockCut”命令自定义 r<sup>2</sup> 或者 D' 的界值或者选择 4 并联合“-FixBlock”命令提供自己定义的 block 区域. 如果用户不想显示 block 区域, 可输入参数 5。
- InGWAS          输入与 LD 热图一起画图的统计结果信息(比如 GWAS 的关联结果, 其他统计结果比如 Tajima's D 也可作为输入)文件格式: [chr position Pvalue]
- InGFF           输入 GFF3 格式的文件用于基因组区域注释
- BlockCut         对于类型 3 的 block, 联合该命令定义强 LD 的界值和 block 内强 LD 的 SNPs 所占的比例。默认是 0.85:0.9. 也就是, 如果在-SeleVar 选了 D'作为统计量, 那么一个 block 内, 两两 SNP 的 D'超过 0.85 的比例为 0.9。
- FixBlock         对于第四种类型的 Block, 用户可以使用此选项提供自定义的 Block 区域。该文件包含三列, 包括染色体、开始位置和结束位置。
- MerMinSNPNum   合并相同色块的最小 SNPs 个数, 默认是 50。关于合并色块, 详见图 1。
- help            显示更多参数

### 3.1.2 其他参数

```
[heweiming@cngb-ologin-25 bin]$ ./bin/LDBlockShow -h
More Help document please see the Manual.pdf file
Para [-i] is show for [-InVCF], Para [-o] is show for [-OutPut], Para [-r] is show for [-Region]

-InGenotype     <str>     InPut SNP Genotype Format
-InPlink        <str>     InPut Plink [bed+bim+fam] or [ped+map] file prefix

-MAF            <float>   Min minor allele frequency filter [0.05]
-Het            <float>   Max ratio of het allele filter [0.90]
-Miss           <float>   Max ratio of miss allele filter [0.25]

-TagSNPCut      <float>   'Strong LD' cutoff for TagSNP [0.80]
-OutPng          convert svg 2 png file
-OutPdf          convert svg 2 pdf file
```

- InGenotype     除了 VCF 格式文件以外, 还可以输入 Genotype 格式的文件, 格式如下:

##CHROM POS	REF	BJ1	BJ12	BJ13	BJ14	BJ15	BJ3	BJ4	BJ7	BJ8	BJ9	BJ2	BJ10	BJ11	GZ1	GZ10	GZ11
JXUM01S000021	441956	T	T	-	Y	C	-	-	C	C	T	C	-	-	C	C	Y
JXUM01S000021	441958	T	T	-	T	T	-	-	T	T	T	T	-	-	T	T	T
JXUM01S000021	441959	G	G	-	G	G	-	-	G	G	G	G	-	-	G	G	G
JXUM01S000021	441963	C	C	-	C	C	-	-	C	C	C	C	-	-	C	C	C
JXUM01S000021	441965	A	A	-	A	A	-	-	A	A	A	A	-	-	A	A	A
JXUM01S000021	441971	G	G	-	G	G	-	-	G	G	G	G	-	-	G	G	G
JXUM01S000021	441974	G	G	-	G	G	-	-	G	G	G	G	-	-	G	G	G

-InPlink 支持输入 PLINK 格式的文件，该参数输入 PLINK 格式文件名的前缀

-MAF 过滤最小等位基因频率过低的点 (default  $\leq 0.05$ )

-Het 过滤杂合度过高的点 (default  $\geq 0.9$ )

-Miss 过滤分型率失败率过高的点 (default  $\geq 0.25$ )

-TagSNPCut 挑选 Tag SNPs 的 LD 界值，默认 0.8。

-OutPng 将 SVG 文件转换为 PNG 文件。

-OutPdf 将 SVG 文件转换为 Pdf 文件。

**备注:** 如果输出 SVG 文件比较小，但用户仍无法打开 SVG 文件，建议使用“-Outpdf”来使用 pdf 文件。在输出的 SVG 文件比较大的情况下，建议使用“-OutPng”转换为 PNG 文件来打开。

## 3.2 ShowLDSVG

ShowLDSVG 用于改善 LDBlockShow 得到的图形显示效果（比如修改颜色）。

### 3.2.1 简要参数

./bin/ShowLDSVG	
Options	
-InPreFix	<s> : InPut Region LD Result Frefix
-OutPut	<s> : OutPut svg file result
-help	: Show more help with more parameter

-InPreFix 输入文件的前缀名 (i.e., LDBlockShow 的输出文件前缀名)

-OutPut 输出文件前缀名(svg, png 和 pdf 格式的图形将会被输出)

-help 更多参数

### 3.2.2 详细参数

-InGWAS 输入与 LD 热图一起画图的统计结果信息(比如 GWAS 的关联结果，其他统计结果比如 Tajima's D 也可作为输入)文件格式: [chr position Pvalue]

-NoLogP 默认情况下，-InGWAS 输入文件的 P 值将会被 $-\log_{10}$ 转换，使用该命令可取消转换。

-Cutline -InGWAS 文件的显著界限（将会在图中对应位置显示一条虚线）

-TopSite -TopSite 默认值是 GWAS 最显著的点，用户也可以输入 chr:pos 来指定其他点。使用该命令后，该位点在 GWAS 图中将被显示为菱形。其他点与该点的 LD 关系将用不同的颜色显示。例图见图 9。

- PointSize 用户可使用该选项来定义 GWAS 点的大小，任意大于 0 的数字均可。
- SpeSNPName 该选项指定的文件可用来输入感兴趣的 SNP 的名字。这些名字会在热图上方显示。默认输入文件格式是[chr position Name]
- ShowGWASSpeSNP 该选项与-SpeSNPName 一起使用，使用该命令时感兴趣的 SNP 的名字也会在 GWAS 图中。

```
./bin/ShowLDSVG -h
    -InGWAS      <s>      : InPut GWAS Pvalue File(chr site Pvalue)
    -NoLogP      : Do not get the log Pvalue
    -Cutline     <s>      : show the cut off line of Pvalue
    -TopSite     <n>      : InPut the Special Site as the top site (chr:pos)
    -PointSize   <n>      : set the GWAS point size number
    -SpeSNPName <s>      : In File for Special SNP Name(chr site Name)
    -ShowGWASSpeSNP : show Special SNP Name in GWAS plot with [-SpeSNPName]

    -InGFF       <s>      : InPut GFF3 file to show Gene CDS and name
    -NoGeneName   : No show Gene name,only show stuct
    -crGene       <s>      : InColor for Gene Stuct [CDS:Intron:UTR:Intergenic]
                           default: [#e7298a:lightblue:#7570b3:#a6cee3]

    -crBegin     <s>      : In Start Color RGB [255,255,255]
    -crMiddle     <s>      : In Middle Color RGB [240,235,75]
    -crEnd        <s>      : In End Color RGB [255,0,0]
    -NumGradien  <s>      : In Number of gradien of color
    -crTagSNP    <s>      : Color for TagSNP [31,120,180]

    -CrGrid       <s>      : the color of grid edge [white]
    -WidthGrid    <s>      : the edge-width of gird [1]
    -NoGrid       : No Show the gird edge

    -ShowNum      : Show the R^2/D' in the heatmap
    -NoShowLDist  <n>      : NoShow long physical distance pairwise[10000000]
    -MerMinSNPNum <s>      : merger color grids when SNPnumber over N[50]

    -OutPng       : convert svg 2 png file
    -OutPdf       : convert svg 2 pdf file
    -ResizeH      : resize image height; Width be resize in ratio [4096]
```

- InGFF 输入 GFF3 格式的文件用于基因组区域注释;默认情况下会显示基因名字。
- NoGeneName 使用该命令取消显示基因名。
- crGene 使用该命令定义不同基因组区域的颜色，默认情况下 CDS、内含子，UTR 区和基因间隔区将被分别显示为#e7298a、浅蓝色、#7570b3 和#a6cee3。

用于优化热图颜色的参数:

- crBegin 无 LD 的颜色( $R^2/D'=0$ )，默认白色。
- crMiddle  $R^2/D'=0.5$  的颜色，默认黄色。

- crEnd            完全 LD 的颜色 ( $R^2/D'=1$ )默认红色。
- NumGradien    从 crBegin 到 crEnd 的渐变数目。
- crTagSNP       自定义标签 SNP 的颜色。

用于优化热图中方格的参数:

- CrGrid           方格边缘的颜色，默认白色
- WidthGrid       方格边缘的宽度，默认 1
- NoGrid           方格无边缘
- ShowNum         在方格中显示 LD 的数值 (SNP 数目较多，比如超过 50 时，不推荐使用此命令)。
- NoShowLDist    当两两 SNP 的距离超过一定数值（默认 10M）时，热图中将不会显示这两点之间的 LD 关系。此功能有助于压缩图片大小。用户可自定义此距离。
- MerMinSNPNum   合并相同色块的最小 SNPs 个数，默认是 50。关于合并色块，详见图 1。
- OutPng          将 SVG 文件转换为 PNG 文件。
- OutPdf          将 SVG 文件转换为 Pdf 文件。
- ResizeH         可用该参数定义图片的高度来调整分辨率（默认值 4096）。宽度将会自动等比例调整。

当 SNP 的数目很多，比如大于 100 时，输出的 SVG 文件可能会比较大。ShowLDSVG 会将相邻的颜色一样的方格合并显示，图 1 是一个示意图，可将 SVG 文件从 26k 到 8k。颜色渐变的份数越小，(使用 -NumGradien 定义),压缩效果越明显。-MerMinSNPNum 可用于设置启用合并色块的最小 SNP 数目。

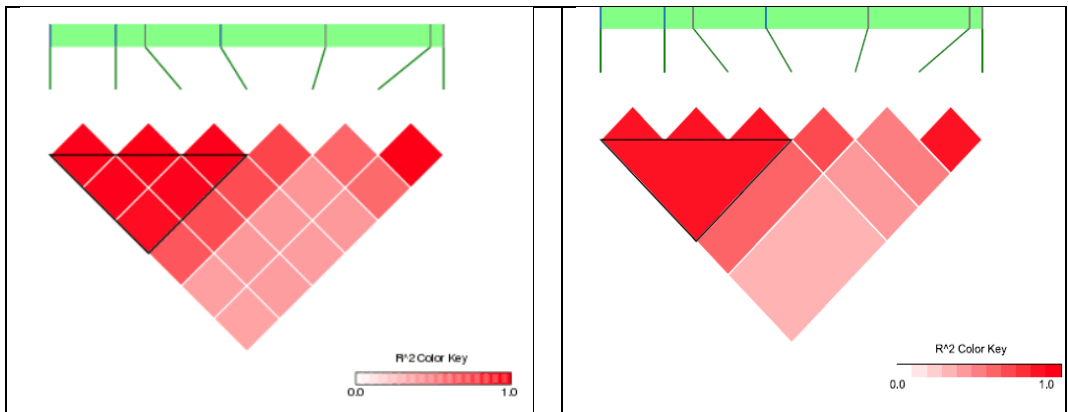


图 1. SNPs 数目较多时候，ShowLDSVG 的压缩效果示例

### 3.3 输出文件

输出文件	说明
out.site.gz	过滤后剩余的进入计算的 SNPsR [chr site]
out.blocks.gz	Block 文件 [chr start end block_length SNP_number SNPs]
out.TriangleV.gz	区域内成对的 $R^2/D'$ 计算结果
out.svg	输出的 SVG 格式图
out.png	输出的 png 格式图
out.pdf	输出的 pdf 格式图



## 4.实例

所有实例均使用  $R^2$  作为 LD 参数，但默认值是  $D'$ （不设定 -SeleVar 或 -SeleVar 1）。

### 4.1 实例 1 Heatmap + default block generated by PLINK

在 example/Example1 文件夹中，我们提供了一个用于产生 LD 热图的例子，其中 block 调用 PLINK 产生。示例命令在 run.sh 文件中：

```
../../bin/LDBlockShow -InVCF Test.vcf.gz -OutPut out -Region chr11:24100000:24200000 -OutPng -SeleVar 2
```

```
sh run.sh
Start Time :
Mon Jun 1 16:30:19 CST 2020
#Detected VCF File is phased file with '|', Read VCF in Phase mode
##Start Region Cal... :Ghir_D11 24100000 24200000; In This Region TotalSNP Number is 7
find blocks...
Start draw... SVG info: SNPNumber :7 , SVG (width,height) = (402.5,297.5)
convert SVG ---> PNG ...
End Time :
Mon Jun 1 16:30:19 CST 2020
```

```
ls
out.blocks.gz out.pdf out.png out.site.gz out.svg out.TriangleV.gz
```

最终结果图如图 2。

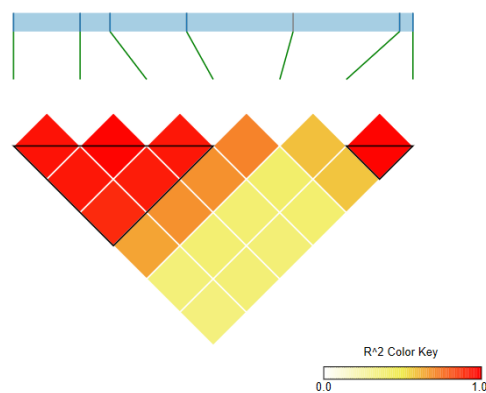


图 2. Example 1 文件夹文件产生的热图

如果选择使用默认的  $D'$  作为 LD 参数，最终结果如图 3。

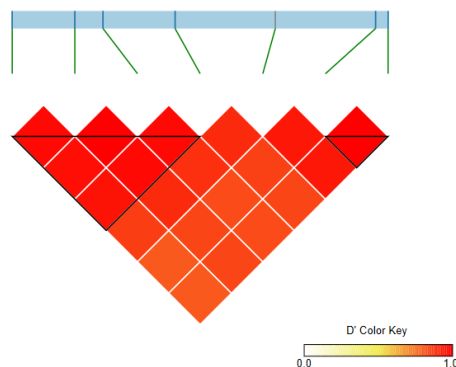


图 3. Example 1 文件用  $D'$  作为 LD 参数产生的结果图

## 4.2 实例 2: Heatmap + block + GWAS

在 example/Example2 文件夹, 我们提供了用于一起产生热图, block 和 GWAS 统计结果的例子。示例命令在 run.sh 文件中:

```
../../bin/LDBlockShow -InVCF ../Example1/Test.vcf.gz -OutPut out -Region chr11:24100000:24200000 -InGWAS gwas.pvalue -SeleVar 2
```

结果如图 4 所示。默认情况下,  $-\log_{10}(\text{P value})$  大于  $7.3$  ( $P < 5 \times 10^{-8}$ ) 的点显示为红色。

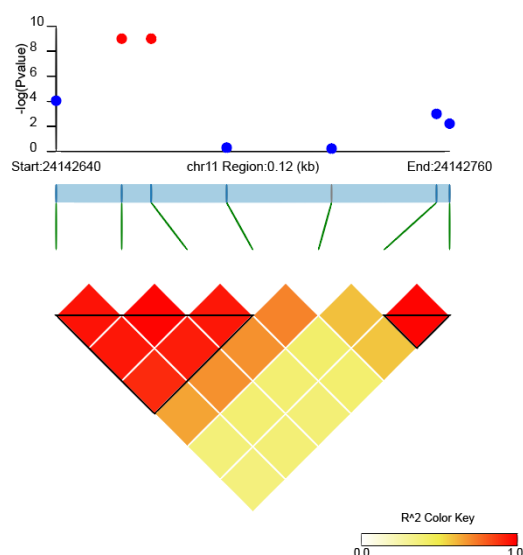


图 4. Example 2 中文件产生的 Heatmap + block + GWAS 图

用户可使用 ShowLDSVG 进一步优化显示效果, 示例命令在 run.sh 文件中:

```
../../bin/ShowLDSVG -InPrefix out -OutPut out -InGWAS gwas.pvalue -Cutline 7 - ShowNum -PointSize 3
```

优化后的结果如图 5。

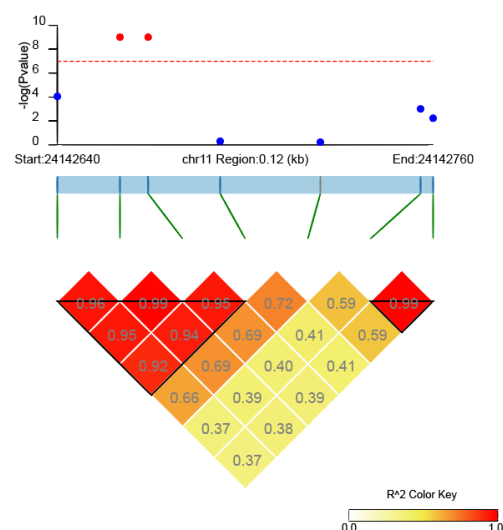


图 5. Example 2 中文件使用 ShowLDSVG 优化的图像结果

### 4.3 实例 3: Heatmap + block + GWAS + Annotation

在 example/Example3 文件夹中，我们提供了一个同时产生热图、block、GWAS 统计结果和基因组注释结果的例子。示例命令在 run.sh 文件中：

```
../bin/LDBlockShow -InVCF ../Example1/Test.vcf.gz -OutPut out -InGWAS gwas.pvalue -InGFF In.gff
-Region chr11:24100000:24200000 -SeleVar 2
```

结果如图 6 所示。

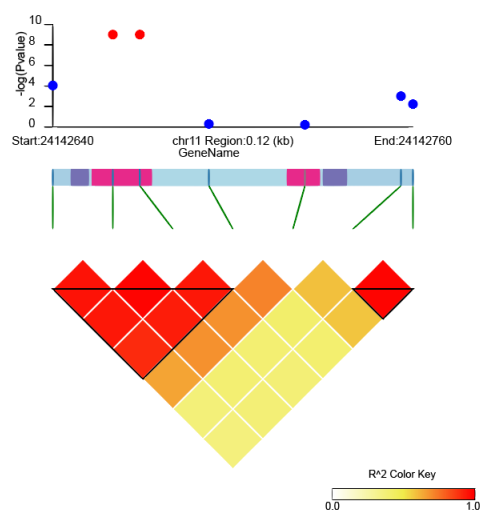


Figure 6. Example 3 中文件产生的 Heatmap + block + GWAS + Annotation 图  
用户可使用 ShowLDSVG 进一步优化显示效果，示例命令在 run.sh 文件中：

```
../bin/ShowLDSVG -InPrefix out -OutPut out.svg -InGWAS gwas.pvalue -Cutline 7 -InGFF In.gff -crGene
yellow:lightblue:pink:orange -showNum
```

优化后的结果如图 7。

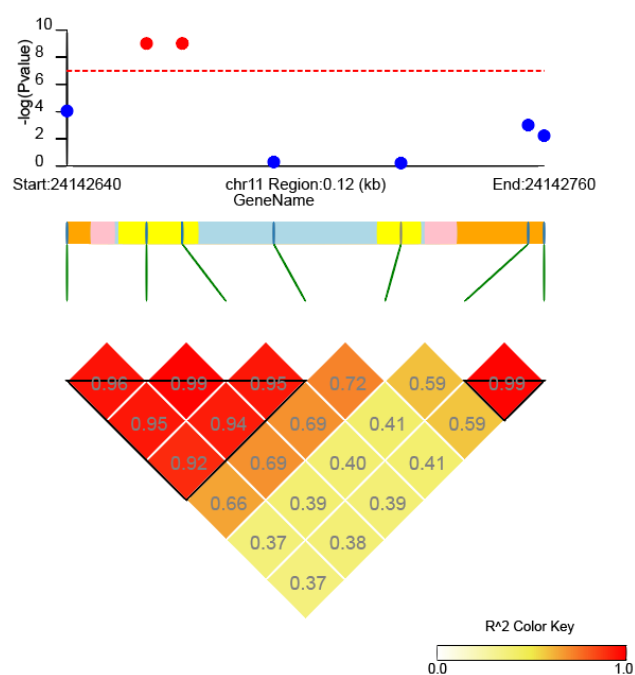


图 7. Example 3 中文件使用 ShowLDSVG 优化的图像结果

用户也可以如下参考命令来显示感兴趣的 SNP 的名字：

```
../bin/ShowLDSVG -InPreFix out -OutPut out.svg -InGWAS gwas.pvalue -Cutline 7 -InGFF In.gff -crGene
yellow:lightblue:pink:orange -showNum -OutPng -SpeSNPName Spe.snp -ShowGWASSpeSNP
```

结果图如图 8 所示。

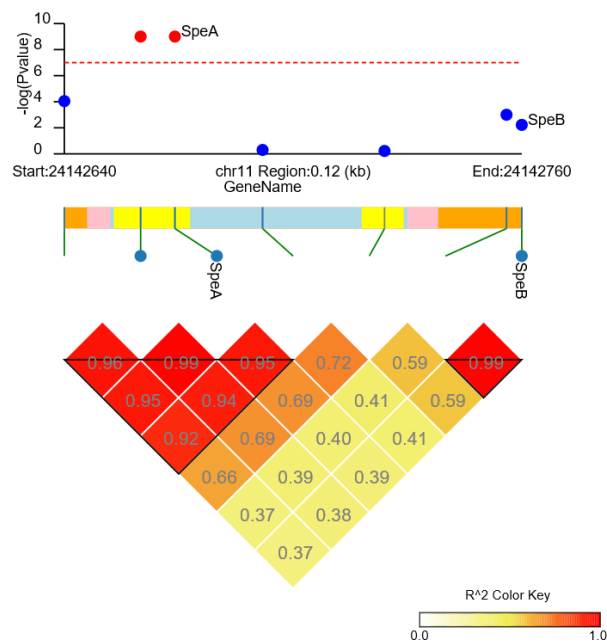


图 8. 优化后显示感兴趣 SNP 名字的结果图

#### 4.4 实例 4: Heatmap + Annotation + GWAS plot similar to Locuszoom

用户可使用 -TopSite 来在 GWAS 图中显示最显著位点与其他点的 LD 关系（-TopSite 默认用 GWAS 最显著的位点，用户可以输入 chr:pos 来修改为其他点）使用的 LD 参数可以用 -SeleVar 修改。

```
../bin/LDBlockShow -InVCF ../Example1/Test.vcf.gz -OutPut out -InGWAS ../Example3/gwas.pvalue -
InGFF ../Example3/In.gff -Region chr11:24100000:24200000 -OutPng -SeleVar 3 -TopSite
```

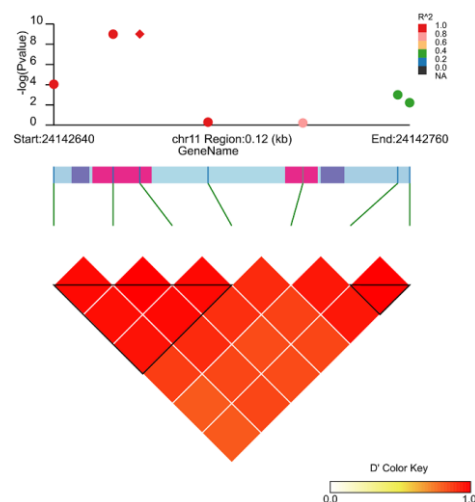


Figure 9. 使用 -TopSite 优化后的图可以在 GWAS 图中显示其他点与最显著点之间的 LD。（使用 -SeleVar 3, GWAS 图中显示的是 R<sup>2</sup>, 热图中使用的是 D', 详见 -SeleVar 的解释）

## 5. 优势

为评价 LDBlockShow 的效果，我们对 LDBlockShow, Haploview<sup>3</sup>, LDheatmap<sup>4</sup> 和 gpart<sup>5</sup> 进行了测试。LDBlockShow 计算所得的  $r^2$  和  $D'$  值与其他工具一样。如图 10 所示，与其他工具相比，LDBlockShow 计算时间更短，所用内存更小。

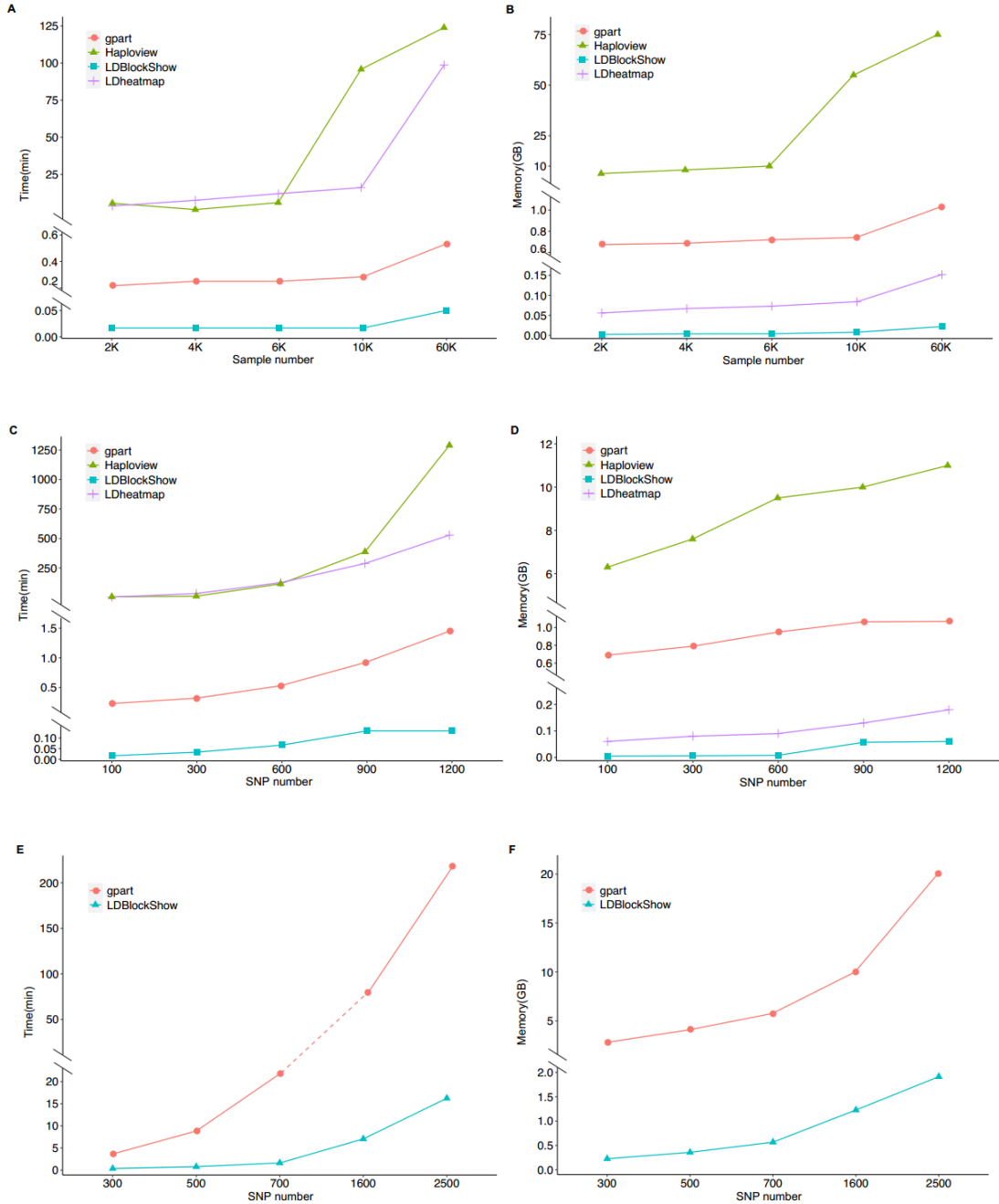


图 10. LDBlockShow、Ldheatmap、Haploview 和 gpart 的计算性能比较。不同方法的 CPU 时间(A)和内存(B)在 2000 到 60,000 样本中 100 个 SNPs 的计算结果。不同方法的 CPU 时间(C)和内存(D)在 2,000 例样本中，SNPs 从 100 到 1200 个的计算结果。在测试 A-D 数据时，LDBlockShow 和 gpart 的运行时间及内存看起来均在合理范围内。因此，我们测试了它们两个处理较大样本数据的能力。这两方法的 CPU 时间(E)和内存(F)

在 100,000 例样本中，SNPs 从 300 到 2,500 个的计算结果。计算在 Intel Xeon CPU E5-2630 v4 节点的一个线程执行。

LDBlockShow 支持同时产生 LD 热图和其他统计结果或者基因组注释结果。此外，LDBlockShow 还支持子群体分析。表 1 是 LDBlockShow 与其他软件的特性比较。

Table 1. LDBlockShow 与其他工具的比较

特性	LDBlockShow	Haploview	LDheatmap	gpart
<b>输入</b>				
压缩 VCF 文件作为输入	√	×	×	×
非压缩 VCF 文件作为输入	√	×	×	√
子群体分析	√	×	×	×
<b>输出</b>				
同时产生其他统计结果图	√	×	×	×
同时产生基因组注释图	√	×	×	√
压缩 SVG 文件	√	×	×	×
输出 PNG 文件	√	√	×	√
Block 信息	√	√	×	√
LD 的统计量	$D'/r^2$	$D'/r^2$	$r^2$	$D'/r^2$

## 6.常见问题

### 6.1 LDBlockShow 计算 LD 参数的方法

与我们之前发表的分析连锁不平衡衰减的文章<sup>6</sup>一样，LDBlockShow 使用以往文献<sup>7,8</sup>报道的公式计算  $r^2$  和  $D'$ 。LDBlockShow 与其他工具的计算结果是一样的，图 11 是与 Ldheatmap 对比的结果图。

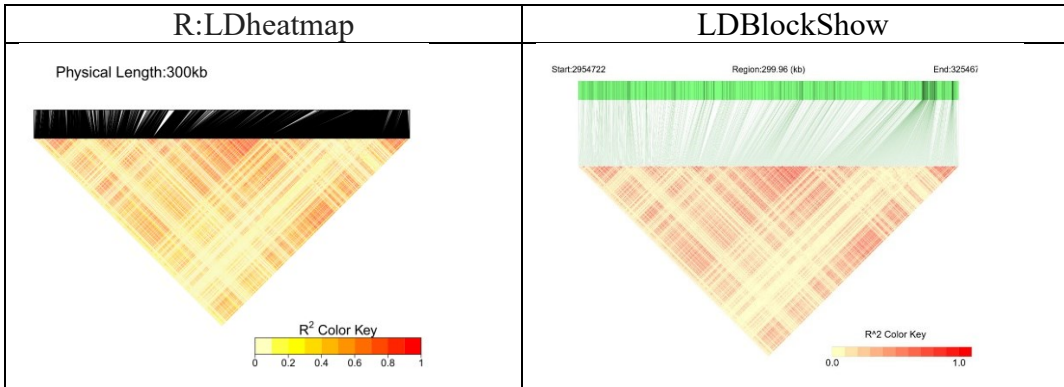


图 11. Ldheatmap 和 LDBlockShow 的热图对比，完全一致。

## 6.2 除了 GWAS 分析结果外，可以输入其他统计结果吗？

当然可以。-lnGWAS 输入文件的第三列可以是任何值。联合使用-NoLogP 命令，第三列的值就不会被 log10 转换。

## 6.3 得到的不是全三角图？

当区域很大 (>1M) 时，LDBlockShow 只输出 1M 内的热图。用户可以使用“-NoShowLDist” (默认值 1000000)来改变这个设定。比如使用“-NoShowLDist 2000000” 会输出 2M 内的热图。图 12 是一个例图。

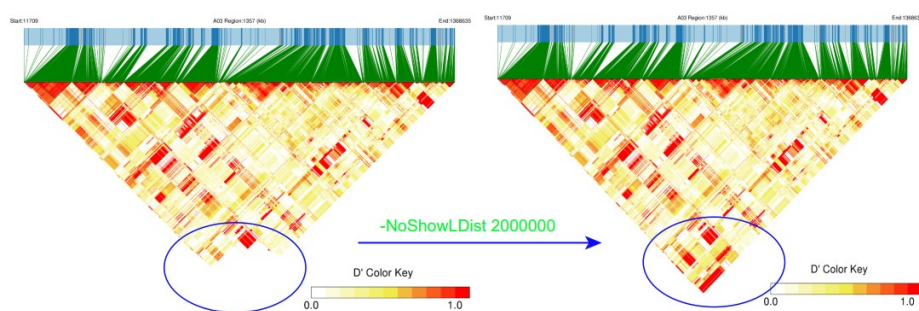


图 12.利用-NoShowLDist 来产生长距离的热图

## 6.4 从 SVG 转 PNG 报错，转换失败？

默认情况下，LDBlockShow 会调用用户系统内的“convert”来完成 SVG 到 PNG 的转换。但是有时候，可能由于版本或者文件大小问题，用户系统内的“convert”无法顺利完成转换。这种情况下，用户可使用以下命令来完成转换：

```
perl LDBlockShow-XXX/bin/svg_kit/svg2xxx.pl xxx.svg -t png --height 50
```

## 6.5 如何显示 SNPs 的名字？

用户可联合使用 ShowLDSVG 中的“-ShowGWASSpeSNP”和“-SpeSNPName”输入的文件来显示感兴趣的 SNP 的名字。具体使用方法可参考例子 3 中的图 8。

## 6.6 如何改变热图的颜色？

用户可使用 ShowLDSVG 中的 “-crMiddle” 和 “-crEnd” 来改变热图颜色。比如，如果想要产生黑白色热图，可使用 “-crMiddle 192,192,192 -crEnd 64,64,64”。

## 6.7 热图看起来跟 R 包 LDheatmap 的结果不太一样？

默认情况下，LDBlockShow 用 D' 来衡量连锁不平衡。但是 Ldheatmap 只支持输出  $r^2$ 。若用户想要使用  $r^2$ ，可使用 “-SeleVar 2” 来切换。

## 6.8 想要移动热图的位置？

当显示 SNP 名字的时候，热图的位置会根据 SNP 名字的长度自动调整至最佳。考虑有的用户可能想要自己微调热图的位置，我们在 ShowLDSVG 内提供了一个参数 “-adjHeatmap”。该参数可以接受从 -0.25 到 0.25 的数字。其中 -0.25 到 0 代表上移，0-0.25 代表下移。比如 “-adjHeatmap -0.1” 代表将热图上移幅度为原画布大小的 10%。

## 6.9 LDBlockShow 支持家系数据分析吗？

对于单倍型/Block 的推断，LDBlockShow 只适用于无关群体。用户可以从自己的数据里提取出无关群体(比如只有父母或者只有子代)来使用 LDBlockShow 进行下游分析。

## 6.10 如何调节坐标轴字体大小？

用户可使用 ShowLDSVG 内的 -XYLabFontSizeRatio 来调节坐标轴字体大小。比如， “-XYLabFontSizeRatio 1.5” 表示把字体放大为原来的 1.5 倍。



如果有其他需求和建议，欢迎与我联系！ 加入我们的 QQ 群：125293663。

## Reference

1. Chang, C.C. *et al.* Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience* **4**, 7 (2015).
2. Gabriel, S.B. *et al.* The structure of haplotype blocks in the human genome. *Science* **296**, 2225-9 (2002).
3. Barrett, J.C., Fry, B., Maller, J. & Daly, M.J. Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics* **21**, 263-5 (2005).
4. Shin, J.-H., Blay, S., McNeney, B. & Graham, J. LDheatmap: An R Function for Graphical Display of Pairwise Linkage Disequilibria Between Single Nucleotide Polymorphisms. *2006* **16**, 9 (2006).
5. Kim, S.A. *et al.* gpart: human genome partitioning and visualization of high-density SNP data by identifying haplotype blocks. *Bioinformatics* **35**, 4419-4421 (2019).
6. Zhang, C., Dong, S.S., Xu, J.Y., He, W.M. & Yang, T.L. PopLDdecay: a fast and effective tool for linkage disequilibrium decay analysis based on variant call format files. *Bioinformatics* **35**, 1786-1788 (2019).
7. Lewontin, R.C. The Interaction of Selection and Linkage. I. General Considerations; Heterotic Models. *Genetics* **49**, 49-67 (1964).
8. Hill, W.G. & Robertson, A. Linkage disequilibrium in finite populations. *Theor Appl Genet* **38**, 226-31 (1968).