

LadderpathCalculator 手册

<http://8.138.85.255/#/>

输入

接受2种格式：

一种是Python中list of string的格式，如：

```
['ABDEDBED', 'ABDED', 'ABDABD', 'CAB', 'ED']
```

一种是fasta，如：

```
>Chrysosplenium_lanuginosum  
TTGTAACCTGCCTAGCAGTGCAACTCGTGAACATGTATATAAAATGTG  
>S._epiphylla_123  
TCGCCGCTTGCTTAAAGCAAACAACCTTGTGAACATGTAATCGCAACT
```

这两种格式的数据都可以直接键入到输入框中，或者通过文件的形式上传（Upload file）。

数据的总长度在10000这个量级，都可以被快速地就算，比如5分钟之内。

结果展示

左边：Laddergraph

Laddergraph是梯图，表示重复亚结构之间的层级嵌套关系（具体请参考末尾的文献[1,2,3]）。

箭头所指向的节点表示：该节点是父亲，其包含箭头另一头的节点所表示的亚结构，比如AB（子节点）指向ABC（父节点）

- 用户可以拖动节点，调整位置（功能还在持续开发中）
- 用户可以给节点涂色：对任一节点涂色，可以将它所有的父节点全部涂成同样的颜色（在 Change ladderon color 选择你想要的颜色）
- 用户可以下载所有数据（Download all data and figures）：会将所有计算所得到的跟梯径相关的文件都下载下来

再往下是梯元 (Ladder) 列表：展示所有梯元，其ID对应梯图中的标号。右边是计算出的梯径度 (Ladderpath-index)、有序度 (Order-index)、规模度 (Size-index) 和表征该梯径的偏序多重集。

右边：Dendrogram (Phylogenetic tree)

Dendrogram 系谱图 (Phylogenetic tree 系统发生树)：用作分析输入客体 (物种、分子、基因序列、蛋白序列等) 之间的距离。

- 我们提供2种计算距离的方式：
 - 一种是 `laddergraph_diff`：这是我们根据梯图的结构定义的距离，相当于两个客体在梯图“这棵树”上的距离，可以大体上理解为2个客 (叶子) 单独的根部到叶子的长度之和减去其共有的长度 (会在我们后续的文章中具体说明)。建议始终用这一种距离；
 - 另一种是 `ladderon_basis`：这是相当于使用梯元作为“基”，计算的距离。这是我们的尝试，并不如上一种定义良好，暂不建议使用。
- 系谱图中物种的颜色会根据左边梯图颜色的变化而变化，便于识别哪些物种有共有模块。
- 用户可以下载调色后的系谱图 ([Download this figure](#)。)

右边最下方是根据上面用户所选择的距离计算出的最小生成树 (minimum spanning tree)，也可以表示物种之间的亲疏远近。