

## 附件 2-常见问题

(1) 如何下载画图结果？在图谱的最下方，鼠标放在蓝色字“here”上，单击鼠标右键，选“另存为”，即可将结果保存到本地电脑。

(2) 哪些浏览器支持 SVG？Google chrome 或 FireFox 均支持。

(3) 画图时，如果部分染色体没有显示，该如何调整？SVG container 的参数预先设定了整个基因图谱画板的最大尺寸，若染色体数量过多，部分染色体会因出现在画板边界之外，而无法显示。此时，适当增加 SVG container 的 height 和 width 即可。

(4) 画图时，如果某些染色体仅显示一部分，该如何解决？single chromosome container 预定义了单个染色体画板的最大尺寸，而 chromosome 则预先定义了单个染色体的最大尺寸，若 chromosome 的尺寸超出了其画板，染色体就无法完整显示。此时可通过减少 chromosome 的尺寸或增加 single chromosome container 的尺寸来解决。

(5) 基因位置线默认是标记在基因中间，是否可以同时展示基因的起止位置？type of gene lines 是关于基因位置线显示类型的参数，可设为 1 或 2，其中 1 代表标注在基因起止位置的正中间；2 代表同时标注基因的起止位置。默认值为 1。

(6) 如何调整基因的展示样式呢？gene\_display\_type 预设了基因名称的五种展示样式：1. 基因名称在染色体两侧交替显示；2. 所有基因名称在左侧；3. 所有基因名称在右侧；4. 所有基因名称在左侧，物理距离在右侧；5. 所有基因名称在右侧，物理距离在左侧。默认值为 1。

(7) 如何为基因自定义不同的颜色呢？在基因位置信息中，第 5 列字段 gene\_color 可改变基因名称的展示颜色，支持“black”“red”“gray”等颜色单词或者网页颜色代码“#00dd00”。根据需要，设置相应的颜色值即可。

(8) 如何调整基因名称与染色体之间的空隙？可通过调整 gene id 下的 margin 参数值即可。

(9) 若 gene id 出现了相互叠加的情况，如何解决？软件的默认设置一般可避免此类情况。若依然出现了重叠，建议通过同步调整 chromosome、single chromosome container 下的 height 来解决。调整时，请注意 height of chromosome 要小于 height of single chromosome container，两者相差 100 左右较为合适。

(10) 若发现染色体长度与刻度尺标注长度明显不符，如何解决？这是由于刻度尺的有效数字精度不够造成的，可通过修改 decimal place 参数解决，将 0 调整为 1 或 2 即可解决。