

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

一致性分析图 (Bland-Altman Plot)

导出日期: 2026年6月27日



扫码关注微信公众号【生信F3】
获取文章完整内容，分享生物信息学
最新知识。

分类: 分布可视化 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

新的测量方法和金标准是不是可以互换? 系统性偏差有多大?

应用场景

- 新仪器/试剂盒与金标准对比
- 批次重复性评估
- 不同测序平台同基因表达对比
- 蛋白定量方法间一致性

输入数据格式

数据框: method1, method2 (同一批样本两次测量)

关键参数

- `conf.int.level = 0.95` (一致性界限)
- `difference.type = "absolute" / "percentage" / "ratio"`
- `graph.sys = "ggplot2"`

快速开始

1. 直接在线运行

打开 [FigCode 在线绘图](#)，点击本工具卡片的"在线绘图"按钮即可用内置示例数据出图，零环境配置。

2. 本地复现

下载脚本和示例数据，本地 RStudio 运行：

```
# 下载
curl -O https://<your-site>/figcode/scripts/bland-altman.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/bland-altman.csv
```

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ggplot2"))

# Bioconductor 包 (如需)
# BiocManager::install(c())
```

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n <- 100
true_val <- rnorm(n, 100, 20)
method1 <- true_val + rnorm(n, 0, 4)
method2 <- true_val + rnorm(n, 1, 5) + 0.02 * true_val # systematic + proportional

df <- data.frame(
  mean = (method1 + method2) / 2,
  diff = method1 - method2
)

# --- Limits of agreement ---
mean_diff <- mean(df$diff)
sd_diff <- sd(df$diff)
upper_lim <- mean_diff + 1.96 * sd_diff
lower_lim <- mean_diff - 1.96 * sd_diff

# --- Plot ---
ggplot(df, aes(mean, diff)) +
  geom_point(alpha = 0.6, color = "#0f172a") +
  geom_hline(yintercept = mean_diff, linetype = "solid", color = "#dc2626") +
  geom_hline(yintercept = c(upper_lim, lower_lim),
            linetype = "dashed", color = "#2563eb") +
```

```
annotate("text", x = max(df$mean), y = mean_diff,
        label = sprintf("Mean diff = %.2f", mean_diff),
        hjust = 1, vjust = -0.4, size = 3.5, color = "#dc2626") +
annotate("text", x = max(df$mean), y = upper_lim,
        label = sprintf("+1.96 SD = %.2f", upper_lim),
        hjust = 1, vjust = -0.4, size = 3.5, color = "#2563eb") +
annotate("text", x = max(df$mean), y = lower_lim,
        label = sprintf("-1.96 SD = %.2f", lower_lim),
        hjust = 1, vjust = 1.4, size = 3.5, color = "#2563eb") +
labs(title = "Bland-Altman Plot",
     x = "Mean of Method 1 and 2",
     y = "Difference (Method 1 - Method 2)") +
theme_classic()
```

替换为自己的数据

脚本中以 `# --- Demo data ---` 标注的段落是示例数据生成代码。替换为自己的数据时，保持列名一致即可：

- 输入格式：数据框：method1, method2（同一批样本两次测量）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 后续将补充配套教程
- 出现 bug？欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。