

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

临床决策曲线 (Decision Curve Analysis)

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: 生存分析 | 依赖包: dcurves、ggplot2

解决的生物学问题

在不同治疗决策阈值下，使用我的模型相比"全治"或"全不治"能多救多少病人？

应用场景

- 临床预测模型的实用性评估
- 多模型对比（看哪个净获益最大）
- Nomogram 配套 DCA
- 诊断标志物投入产出分析

输入数据格式

数据框: truth (0/1), 多列 prediction_probability

关键参数

- outcome (结局列名)
- predictors (多个模型列)
- thresholds (阈值范围)
- xstop = 0.99 截断高阈值区

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/decision-curve.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/decision-curve.csv
```

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(dcurves)
library(ggplot2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n <- 500
truth <- rbinom(n, 1, 0.3)

# Two competing models
df <- data.frame(
  outcome = truth,
  model_A = plogis(truth * 1.5 + rnorm(n, 0, 0.6)),
  model_B = plogis(truth * 0.8 + rnorm(n, 0, 0.6))
)

# --- Decision curve ---
dc <- dca(outcome ~ model_A + model_B, data = df,
  thresholds = seq(0, 0.6, by = 0.01))

plot(dc, smooth = TRUE) +
  ggtitle("Decision Curve Analysis")
```

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：truth (0/1), 多列 prediction_probability
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[临床决策曲线 完整流程](#)
- 出现 bug? 欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。