

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

富集气泡图 (GO/KEGG Dotplot)

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: 功能富集 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

差异基因主要富集在哪些生物学通路或功能类别中?

应用场景

- GO 富集结果可视化
- KEGG 通路富集展示
- 多组对比富集结果
- 上下调基因分别富集分析

输入数据格式

enrichGO / enrichKEGG 结果对象

关键参数

- showCategory 展示通路数 (10-20)
- pvalueCutoff 阈值
- OrgDb 物种注释库
- ont 本体类型 (BP/MF/CC)
- gene ratio vs count 选择

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/dotplot.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/dotplot.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 (simulated enrichment result) ---
set.seed(42)
terms <- c("Cell cycle regulation", "DNA repair", "Apoptosis signaling",
           "Immune response", "Metabolic process", "Signal transduction",
           "Protein folding", "mRNA processing", "Chromatin remodeling",
           "Lipid metabolism", "Oxidative phosphorylation", "Autophagy")
enrich_df <- data.frame(
  Description = terms,
  GeneRatio = runif(12, 0.05, 0.25),
  p.adjust = sort(runif(12, 0.0001, 0.04)),
  Count = sample(5:40, 12)
)

# --- Plot ---
ggplot(enrich_df, aes(x = GeneRatio, y = reorder(Description, GeneRatio))) +
  geom_point(aes(size = Count, color = p.adjust)) +
  scale_color_gradient(low = "#dc2626", high = "#2563eb") +
  scale_size_continuous(range = c(3, 10)) +
  labs(x = "Gene Ratio", y = NULL, title = "GO Enrichment Dotplot",
       color = "p.adjust", size = "Count") +
```

```
theme_classic() +  
theme(axis.text.y = element_text(size = 10))
```

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：enrichGO / enrichKEGG 结果对象
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[富集气泡图 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。