

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

GSEA 曲线 (GSEA Running Score)

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

目标基因集的成员是否倾向于富集在排序列表的顶部或底部?

应用场景

- 展示单条通路的 GSEA 富集模式
- 比较不同基因集的富集方向
- 验证先验通路假设
- 文章 figure 展示核心通路

输入数据格式

gseGO / gseKEGG 结果对象 + geneSetID

关键参数

- geneSetID 目标通路
- pvalue_table 是否显示统计量
- nPerm 置换次数 (1000+)
- minGSSize / maxGSSize 基因集大小过滤
- ranking metric ($\log_2FC \times -\log_{10}p$)

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/gsea-running.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/gsea-running.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: simulate GSEA running score ---
set.seed(42)
n <- 500
ranks <- sort(rnorm(n, 0, 2), decreasing = TRUE)
hits <- sort(sample(1:n, 30))

# Calculate running enrichment score
es <- numeric(n)
hit_indicator <- rep(0, n)
hit_indicator[hits] <- 1
nr <- sum(abs(ranks[hits]))
miss_penalty <- 1 / (n - length(hits))

running <- 0
for (i in 1:n) {
  if (hit_indicator[i] == 1) {
    running <- running + abs(ranks[i]) / nr
  } else {
    running <- running - miss_penalty
  }
  es[i] <- running
}
```

```
df_es <- data.frame(Position = 1:n, ES = es)
df_hits <- data.frame(Position = hits, y = 0)

# --- Plot ---
p1 <- ggplot(df_es, aes(x = Position, y = ES)) +
  geom_line(color = "#059669", linewidth = 1.2) +
  geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "grey50") +
  geom_segment(data = df_hits, aes(x = Position, xend = Position, y = -0.02, yend = 0),
    color = "#dc2626", linewidth = 0.3) +
  labs(x = "Rank", y = "Enrichment Score", title = "GSEA Running Score") +
  theme_classic()
print(p1)
```

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：gseGO / gseKEGG 结果对象 + geneSetID
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[GSEA 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。