

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

GSEA 瀑布图 (NES Waterfall)

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

哪些通路在实验组中被显著激活或抑制? 激活与抑制的通路数量是否平衡?

应用场景

- GSEA 结果全景展示
- 对比激活与抑制通路
- 多数据库 (GO/KEGG/Hallmark) 结果汇总
- 筛选后续验证的候选通路

输入数据格式

GSEA 结果表 (NES, p.adjust, Description)

关键参数

- 展示通路数 (top 5-10 each direction)
- NES 阈值过滤
- p.adjust 阈值 (0.05 / 0.25)
- 条形颜色方案 (红蓝对比)

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-waterfall.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/gsea-waterfall.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)
pathways <- c("Oxidative phosphorylation", "Cell cycle", "DNA repair",
              "Fatty acid metabolism", "mTOR signaling", "Apoptosis",
              "Immune activation", "Wnt signaling", "Notch signaling",
              "Hedgehog signaling", "TGF-beta signaling", "p53 pathway")
top_terms <- data.frame(
  Description = pathways,
  NES = c(2.3, 1.9, 1.7, 1.5, 1.3, 1.1, -1.2, -1.4, -1.6, -1.8, -2.0, -2.4),
  p.adjust = runif(12, 0.001, 0.04)
)
top_terms$direction <- ifelse(top_terms$NES > 0, "Activated", "Suppressed")

# --- Plot ---
ggplot(top_terms, aes(x = reorder(Description, NES), y = NES, fill = direction)) +
  geom_col(width = 0.7) + coord_flip() +
  scale_fill_manual(values = c(Activated="#dc2626", Suppressed="#2563eb")) +
  labs(x = NULL, y = "Normalized Enrichment Score (NES)", title = "GSEA NES Waterfall")
  theme_classic() +
  theme(legend.position = "top")
```

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：GSEA 结果表（NES, p.adjust, Description）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[GSEA 瀑布图 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。