

KM 生存曲线 (KM Survival Curve)

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: survival、survminer

解决的生物学问题

不同分组（如基因高/低表达）的患者生存时间是否存在显著差异？

应用场景

- 基因表达高低分组的预后分析
- 突变 vs 野生型生存对比
- 临床分期生存差异
- 治疗方案疗效评估

输入数据格式

数据框: time, status, group

关键参数

- 分组方式 (中位数 / 最佳截断值 surv_cutpoint)
- time 单位 (月 / 天)
- risk.table 是否显示风险表
- palette 配色方案
- conf.int 是否显示置信区间

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("survival", "survminer"))

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

完整代码

```
library(survival)
library(survminer)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n <- 100
df <- data.frame(
  time = c(rexp(50, 0.02), rexp(50, 0.05)),
  status = sample(0:1, n, replace = TRUE, prob = c(0.3, 0.7)),
  group = rep(c("High", "Low"), each = 50)
)

# --- Plot ---
fit <- survfit(Surv(time, status) ~ group, data = df)
ggsurvplot(fit, data = df,
  pval = TRUE, risk.table = TRUE,
  palette = c("#0f766e", "#dc2626"),
  xlab = "Time (months)", ylab = "Survival Probability",
  title = "Kaplan-Meier Survival Curve")
```

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：time, status, group
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[KM 生存曲线 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。