

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

突变 3D 直方 (Lego Plot)

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: 基因组 | 依赖包: maftools、BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19

解决的生物学问题

我的肿瘤样本在 96 种突变 context 上的频谱长什么样？哪种替换最多？

应用场景

- 替代 SBS96 frequency bar 的 3D 版
- 泛癌突变特征大类汇总
- 报告 / PPT 视觉效果加分图

输入数据格式

maftools::trinucleotideMatrix 输出

关键参数

- add = TRUE 计算 trinucleotide context
- plotLego 风格
- sample 选取特定样本

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19"))

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

完整代码

```
library(maftools)
library(BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19)

# --- Demo: TCGA-LAML ---
laml.maf <- system.file("extdata", "tcga_laml.maf.gz", package = "maftools")
laml <- read.maf(maf = laml.maf, verbose = FALSE)

# --- Trinucleotide context ---
laml.tnm <- trinucleotideMatrix(
  maf = laml,
  ref_genome = "BSgenome.Hsapiens.UCSC.hg19",
  prefix = "chr", add = TRUE,
  useSyn = TRUE
)

# --- Lego-style plot ---
plotApobecDiff(laml.tnm, maf = laml, pVal = 0.05)
# 或: plotSignatures() 先 extractSignatures() 然后画 SBS96 lego
```

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：maftools::trinucleotideMatrix 输出
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程: [突变 3D 直方 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。

