

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

LFC 对比图 (LFC Scatter)

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: 差异分析 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

不同差异分析工具得到的 fold change 估计是否一致? 哪些基因存在工具间分歧?

应用场景

- DESeq2 vs edgeR 结果对比
- limma vs DESeq2 一致性验证
- 多工具共识 DE 基因筛选
- 方法学比较研究

输入数据格式

数据框: gene, lfc_tool1, lfc_tool2

关键参数

- x/y 两种工具的 LFC 列
- cor.method 相关系数方法 (pearson / spearman)
- highlight 不一致基因标注
- abline 对角线参考
- alpha 点透明度

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ggplot2"))

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n <- 1500
lfc1 <- rnorm(n, 0, 2)
lfc2 <- lfc1 + rnorm(n, 0, 0.5) # Correlated with noise
compare_df <- data.frame(lfc_deseq2 = lfc1, lfc_edger = lfc2)
cor_val <- cor(lfc1, lfc2)

# --- Plot ---
ggplot(compare_df, aes(x = lfc_deseq2, y = lfc_edger)) +
  geom_point(size = 0.8, alpha = 0.4, color = "#475569") +
  geom_abline(slope = 1, intercept = 0, linetype = "dashed", color = "red") +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color = "#2563eb") +
  annotate("text", x = -4, y = 5, label = paste0("r = ", round(cor_val, 3)),
    size = 4, fontface = "bold") +
  labs(x = "log2FC (DESeq2)", y = "log2FC (edgeR)",
    title = "LFC Concordance: DESeq2 vs edgeR") +
  theme_classic()
```

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：gene, lfc_tool1, lfc_tool2
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[LFC 对比图 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。