

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

QC 条形图 (Library Size Bar)

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: 分布可视化 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

各样本的测序深度是否均匀? 是否存在文库量异常偏低的样本需要剔除?

应用场景

- RNA-seq 测序质控
- 样本间文库大小均一性评估
- 判断是否需要额外归一化
- 多批次数据合并前检查

输入数据格式

数据框: sample, library_size + 分组注释

关键参数

- fill 分组变量 (condition)
- reorder 排序方式 (升序/降序)
- geom_hline 最低阈值线
- scale_y 单位 (百万 reads)
- coord_flip 是否水平展示

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/library-size.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/library-size.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)
qc_df <- data.frame(
  sample = paste0("Sample_", sprintf("%02d", 1:12)),
  lib_size = c(rnorm(6, 25e6, 5e6), rnorm(6, 22e6, 4e6)),
  group = rep(c("Treatment", "Control"), each = 6)
)
qc_df$lib_size[3] <- 5e6 # One low-quality sample

# --- Plot ---
ggplot(qc_df, aes(x = reorder(sample, lib_size), y = lib_size / 1e6, fill = group)) +
  geom_col(width = 0.7) +
  geom_hline(yintercept = 10, linetype = "dashed", color = "red") +
  labs(x = NULL, y = "Library size (millions)", title = "Library Size QC") +
  coord_flip() +
  scale_fill_manual(values = c(Treatment="#0f766e", Control="#64748b")) +
  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：sample, library_size + 分组注释
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[QC 条形图 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。