

突变位点图（Lollipop 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

解决的生物学问题

目标基因的突变是否集中在特定蛋白结构域或热点位置？

应用场景

- 单基因突变热点分析
- 蛋白功能域与突变位点关联
- 不同队列突变位点对比
- 临床意义突变位点标注

输入数据格式

MAF 对象 + 基因名

关键参数

- gene 目标基因名
- AACol 氨基酸变化列名
- showMutationRate 是否显示突变率
- domainLabelSize 结构域标签大小
- repel 标签是否避免重叠

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c())

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

完整代码

```
library(maftools)

# --- Demo: use built-in TCGA LAML dataset ---
laml.maf <- system.file("extdata", "tcga_laml.maf.gz", package = "maftools")
laml <- read.maf(maf = laml.maf)

# --- Plot ---
lollipopPlot(laml, gene = "DNMT3A", AACol = "Protein_Change",
             showMutationRate = TRUE, domainLabelSize = 3)
```

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：MAF 对象 + 基因名
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[突变位点图 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。

