

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

MA 图 (MA 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: 差异分析 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

差异表达是否与基因表达丰度相关? 低表达基因的 fold change 是否可信?

应用场景

- DESeq2 差异分析质控
- 评估 LFC shrinkage 效果
- 检测表达量依赖的偏差
- 对比不同归一化方法

输入数据格式

数据框: baseMean, log2FoldChange, padj

关键参数

- LFC shrinkage 方法 (apeglm / ashr / normal)
- padj 阈值
- baseMean 下限过滤
- alpha 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/ma-plot.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/ma-plot.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(123)
n <- 3000
ma_df <- data.frame(
  baseMean = 10^runif(n, 0, 5),
  log2FC = rnorm(n, 0, 1),
  padj = runif(n, 0, 1)
)
ma_df$padj[sample(n, 150)] <- runif(150, 1e-8, 0.01)
ma_df$sig <- ifelse(ma_df$padj < 0.05, "DE", "NS")

# --- Plot ---
ggplot(ma_df, aes(x = baseMean, y = log2FC, color = sig)) +
  geom_point(size = 0.4, alpha = 0.5) +
  scale_x_log10() +
  scale_color_manual(values = c(DE="#dc2626", NS="#9ca3af")) +
  geom_hline(yintercept = 0, color = "grey40") +
  labs(x = "Mean expression (log10)", y = "log2 Fold Change", title = "MA Plot") +
  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：baseMean, log2FoldChange, padj
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[MA 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。