

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

曼哈顿图 (Manhattan 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: qqman

解决的生物学问题

全基因组上哪些 SNP 与表型显著相关? 显著位点在染色体上如何分布?

应用场景

- GWAS 主结果展示
- Meta-GWAS
- eQTL 结果可视化
- PheWAS 多表型扫描

输入数据格式

数据框: SNP, CHR, BP, P

关键参数

- `suggestiveline` = $-\log_{10}(1e-5)$ (提示阈值)
- `genomewideline` = $-\log_{10}(5e-8)$ (全基因组显著阈值)
- `highlight` (高亮特定 SNP 列表)
- `annotatePval` (自动注释超过阈值的 SNP)

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

3. 安装依赖

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

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(qqman)

# --- Demo GWAS data ---
set.seed(42)
n <- 50000
df <- data.frame(
  SNP = paste0("rs", 1:n),
  CHR = sample(1:22, n, replace = TRUE),
  BP = sample(1:1e8, n, replace = TRUE),
  P = runif(n)
)
# Inject a few significant hits
hits <- sample(n, 30)
df$P[hits] <- runif(30, 1e-12, 5e-8)

# --- Manhattan plot ---
manhattan(
  df,
  chr = "CHR", bp = "BP", p = "P", snp = "SNP",
  col = c("#1d4ed8", "#94a3b8"),
  suggestiveline = -log10(1e-5),
  genomewideline = -log10(5e-8),
  annotatePval = 5e-8,
  main = "Manhattan Plot - GWAS"
)
```

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：SNP, CHR, BP, P
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[曼哈顿图 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。