

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Meta 森林图 (Meta Forest 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: 生存分析 | 依赖包: metafor、ggplot2

解决的生物学问题

同一个生物标志在多个独立 cohort 中的效应是否一致? 合并后的总效应有多大?

应用场景

- 多 cohort signature 验证 (TCGA + ICGC + GEO)
- Meta 分析合并 OR/HR
- Subgroup 异质性检验
- 系统综述效应量汇总

输入数据格式

数据框: study, n, effect (HR/OR/log2FC), lower_CI, upper_CI

关键参数

- method = "REML" (random effects) / "FE" (fixed)
- measure = "HR" / "OR" / "MD"
- showweights = TRUE 显示权重

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(metafor)
library(ggplot2)

# --- Demo: 6 cohorts, log HR with SE ---
df <- data.frame(
  study = c("TCGA-LIHC", "ICGC-LIRI", "GSE14520", "GSE76427",
            "CHCC-HBV", "Korean cohort"),
  yi     = c(log(1.85), log(1.62), log(2.10), log(1.45),
            log(1.78), log(1.95)),      # log HR
  sei    = c(0.18, 0.22, 0.30, 0.28, 0.20, 0.25),
  n      = c(371, 232, 220, 167, 159, 186)
)

# --- Random-effects meta-analysis ---
res <- rma(yi = yi, sei = sei, data = df, method = "REML",
          slab = study, measure = "GEN")

# --- Forest plot ---
forest(
  res,
  atranf = exp,          # show on HR scale
  refline = 1,
  xlab    = "Hazard Ratio",
  cex     = 0.9,
  header  = "Cohort",
  mlab    = sprintf("RE Model (I2 = %.1f%, p = %.3f)",
```

```
      res$I2, res$pval),  
col      = "#dc2626"  
)
```

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：study, n, effect (HR/OR/log2FC), lower_CI, upper_CI
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[Meta 森林图 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。