

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

MOFA 因子载荷 (MOFA Factor Loadings)

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: 降维可视化 | 依赖包: MOFA2、ggplot2、cowplot

解决的生物学问题

提取出的潜在因子捕获了哪些组学层的变异? 哪个因子和我的临床表型相关?

应用场景

- 多组学无监督整合
- 稀疏因子分解
- 隐藏亚型发现
- 组学之间共享/独有变异分解

输入数据格式

MOFA 对象 (MOFA2::run_mofa 输出)

关键参数

- factors (要展示的因子索引)
- covariate1 (连续协变量)
- group_by (分组着色)
- plot_variance_explained 看因子覆盖度

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("M0FA2", "ggplot2", "cowplot"))

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

完整代码

```
library(M0FA2)
library(ggplot2)

# --- Demo: 用包内置示例 ---
filepath <- system.file("extdata", "test_model.hdf5", package = "M0FA2")
mofa <- load_model(filepath)

# --- Variance explained per factor / view ---
p1 <- plot_variance_explained(
  mofa,
  x = "view", y = "factor"
) + ggtitle("Variance Explained ( $R^2$ )")

# --- Factor values colored by sample group ---
p2 <- plot_factor(
  mofa,
  factors = c(1, 2),
  color_by = "group"
) + ggtitle("M0FA Factor Values")

cowplot::plot_grid(p1, p2, ncol = 2, rel_widths = c(1, 1.2))
```

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：MOFA 对象（MOFA2::run_mofa 输出）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[MOFA 因子载荷 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。