

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

突变共现矩阵 (Mutation Co-occurrence)

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

在我的肿瘤队列中，哪些驱动基因突变倾向于一起出现？哪些是互斥的（提示功能冗余）？

应用场景

- 驱动基因功能冗余检测
- 合成致死靶点筛选
- 通路成员关联分析
- 亚型特异性突变模式

输入数据格式

maftools::read.maf 加载的 MAF 对象

关键参数

- top (参与分析的高频突变基因数)
- pvalue (CoMEt / Fisher 阈值)
- returnAll = TRUE 拿到完整 p 值矩阵

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/mut-cooccurrence.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/mut-cooccurrence.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: 用包内置 LAML ---
laml.maf <- system.file("extdata", "tcga_laml.maf.gz", package = "maftools")
laml.clin <- system.file("extdata", "tcga_laml_annot.tsv", package = "maftools")
laml <- read.maf(maf = laml.maf, clinicalData = laml.clin, verbose = FALSE)

# --- Somatic interactions ---
interactions <- somaticInteractions(
  maf = laml,
  top = 25,
  pvalue = c(0.05, 0.01),
  showCounts = FALSE,
  countStats = "all"
)
```

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：maftools::read.maf 加载的 MAF 对象
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程: [突变共现矩阵 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。

