

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

突变景观图 (Oncoplot)

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

队列中哪些基因突变频率最高? 不同突变类型在各样本中如何分布?

应用场景

- 肿瘤队列突变全景展示
- 驱动基因突变频率排序
- 多突变类型共现分析
- 临床注释与突变关联

输入数据格式

MAF 文件 (maftools::read.maf)

关键参数

- top 展示基因数 (10-20)
- clinicalFeatures 临床注释列
- sortByAnnotation 是否按注释排序
- fontSize 字体大小
- colors 突变类型配色

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/oncoplot.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/oncoplot.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: use built-in TCGA LAML dataset ---
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)

# --- Plot ---
oncoplot(laml, top = 10, fontSize = 0.7)
```

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

延伸阅读

- 相关教程：[突变景观图 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。

