

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Peak 注释 (Peak Annotation Pie)

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: ggplot2

解决的生物学问题

实验富集的 peak 主要分布在基因组的哪些功能区域？是否偏好启动子区？

应用场景

- ChIP-seq peak 基因组分布概览
- ATAC-seq 开放染色质区域注释
- 不同组蛋白修饰的分布对比
- TF 结合位点区域偏好分析

输入数据格式

narrowPeak 文件 + TxDb 注释

关键参数

- tssRegion TSS 上下游范围 (c(-3000, 3000))
- TxDb 基因组注释版本
- level 注释层级 (gene / transcript)
- 输出图形类型 (pie / bar)

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo: simulate peak annotation proportions ---
anno_df <- data.frame(
  Feature = c("Promoter (<=1kb)", "Promoter (1-2kb)", "Promoter (2-3kb)",
             "5' UTR", "3' UTR", "1st Exon", "Other Exon",
             "1st Intron", "Other Intron", "Distal Intergenic"),
  Percentage = c(28, 8, 5, 2, 4, 3, 5, 12, 18, 15)
)
anno_df$Feature <- factor(anno_df$Feature, levels = rev(anno_df$Feature))

# --- Plot ---
ggplot(anno_df, aes(x = "", y = Percentage, fill = Feature)) +
  geom_bar(stat = "identity", width = 1) +
  coord_polar("y") +
  labs(title = "Peak Genomic Annotation", fill = "Feature") +
  theme_void() +
  theme(legend.text = element_text(size = 8))
```

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：narrowPeak 文件 + TxDb 注释
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[Peak 注释 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。