

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

分位数图 (QQ 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: 分布可视化 | 依赖包: qqman

解决的生物学问题

我的检验 p 值在 null 假设下应该均匀分布，实际有偏离吗？模型残差正态吗？

应用场景

- GWAS p 值诊断 (系数膨胀 λ)
- 差异分析 p 值诊断
- 回归残差正态性检查
- 群体遗传学 inflation 检测

输入数据格式

一维数值向量 (p 值列表 / 残差)

关键参数

- distribution = "uniform" (GWAS) / "normal" (残差)
- envelope = TRUE 95% 置信带
- main 标题含 lambda

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(qqman)

# --- Demo: simulate p-values with mild inflation ---
set.seed(42)
n <- 10000
p_null <- runif(n)
p_inflated <- pmin(runif(n) * 0.95, 1) # mild inflation

# True GWAS-like with a few hits + inflation
p_real <- c(p_inflated, runif(20, 1e-12, 1e-7))

# --- QQ plot of p-values ---
par(mfrow = c(1, 2))
qq(p_null, main = "Null (well-calibrated)", cex = 0.5)
qq(p_real, main = "Mild inflation + real hits", cex = 0.5)

# Compute genomic inflation factor lambda
chisq <- qchisq(1 - p_real, 1)
lambda <- median(chisq) / qchisq(0.5, 1)
mtext(sprintf("lambda = %.3f", lambda),
      side = 3, line = -1.4, adj = 0.95, cex = 0.9)
```

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：一维数值向量（p 值列表 / 残差）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[分位数图完整流程](#)
- 出现 bug? 欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。

