

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

GSEA 山脊图 (Ridge Plot (GSEA))

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: 功能富集 | 依赖包: clusterProfiler、enrichplot、org.Hs.eg.db、DOSE

解决的生物学问题

富集到的通路里，core enrichment 基因的 fold change 是集中还是分散？方向如何？

应用场景

- GSEA 结果纵览
- 上调 / 下调通路对比
- 配合 NES waterfall 多角度展示

输入数据格式

gseaResult 对象 (clusterProfiler::gseGO / gseKEGG 输出)

关键参数

- showCategory (展示 top N 通路)
- fill = "p.adjust" (按 p 值着色)
- orderBy (NES 或 enrichmentScore)
- core_enrichment 只展示核心富集基因

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

3. 安装依赖

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

# Bioconductor 包 (如需)
# BiocManager::install(c("clusterProfiler", "enrichplot", "org.Hs.eg.db"))
```



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(clusterProfiler)
library(enrichplot)
library(org.Hs.eg.db)

# --- Demo: build a fake gseaResult-like data structure with real fgsea ---
set.seed(42)
n <- 5000
genelist <- rnorm(n)
names(genelist) <- paste0("Gene", 1:n)
genelist <- sort(genelist, decreasing = TRUE)

# --- Use a small built-in gene set list for demo ---
data(geneList, package = "DOSE")
gsea <- gseG0(
  geneList      = geneList,
  OrgDb         = org.Hs.eg.db,
  ont           = "BP",
  minGSSize     = 20,
  maxGSSize     = 500,
  pvalueCutoff  = 0.05,
  verbose       = FALSE
)

# --- Ridge plot ---
ridgeplot(gsea, showCategory = 12, fill = "p.adjust", orderBy = "NES") +
```

```
scale_fill_gradient(low = "#dc2626", high = "#2563eb") +  
labs(title = "GSEA Ridge Plot – leading edge gene log2FC")
```

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：gseaResult 对象（clusterProfiler::gseGO / gseKEGG 输出）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[GSEA 山脊图 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。