

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

火山图 (Volcano 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: 差异分析 | 依赖包: ggplot2、ggrepel

解决的生物学问题

哪些基因在两组之间表达差异最显著？效应大小和统计显著性如何权衡？

应用场景

- RNA-seq 差异分析结果展示
- 蛋白组差异蛋白展示
- 代谢组差异代谢物

输入数据格式

数据框: gene, log2FoldChange, padj

关键参数

- padj 阈值 (通常 0.05)
- |log2FC| 阈值 (通常 1)
- 标注基因数 (top 10-20)
- LFC shrinkage 方法 (apeglm)

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(ggplot2)
library(ggrepel)

# --- Demo data (replace with your own) ---
set.seed(42)
n <- 2000
de_df <- data.frame(
  gene = paste0("Gene", 1:n),
  log2FC = rnorm(n, 0, 1.5),
  padj = runif(n, 0, 1)
)
de_df$padj[sample(n, 100)] <- runif(100, 1e-10, 0.01)
de_df$sig <- ifelse(de_df$padj < 0.05 & de_df$log2FC > 1, "Up",
  ifelse(de_df$padj < 0.05 & de_df$log2FC < -1, "Down", "NS"))
top <- de_df[order(de_df$padj), ][1:15, ]

# --- Plot ---
ggplot(de_df, aes(x = log2FC, y = -log10(padj), color = sig)) +
  geom_point(size = 0.6, alpha = 0.5) +
  geom_text_repel(data = top, aes(label = gene), size = 3, max.overlaps = 15) +
  scale_color_manual(values = c(Up="#dc2626", Down="#2563eb", NS="#9ca3af")) +
  geom_vline(xintercept = c(-1, 1), linetype = "dashed") +
  geom_hline(yintercept = -log10(0.05), linetype = "dashed") +
  labs(x = "log2 Fold Change", y = "-log10(adjusted p-value)", title = "Volcano Plot")
theme_classic()
```

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：数据框：gene, log2FoldChange, padj
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

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