

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

细胞通讯总数热图 (CCI Strength Heatmap)

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: 网络与互动 | 依赖包: CellChat

解决的生物学问题

哪两种细胞类型之间的通讯总量最高？通讯方向是双向还是单向？

应用场景

- 细胞通讯总览 figure
- 配对 chord plot 对比
- 治疗前后通讯强度变化
- 通讯主导细胞识别

输入数据格式

CellChat 对象 (已跑 aggregateNet)

关键参数

- `measure = "count" / "weight"`
- `color.heatmap = "Reds" / "Blues"`
- `sources.use / targets.use` 子集筛选

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c())

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(CellChat)

# --- Demo data ---
data(cellchat, package = "CellChat")

# --- Aggregate net (count and weighted strength) ---
cellchat <- aggregateNet(cellchat)

par(mfrow = c(1, 2))

# Panel 1: number of interactions
netVisual_heatmap(
  cellchat,
  measure = "count",
  color.heatmap = "Reds",
  title.name = "Number of interactions"
)

# Panel 2: total interaction strength
netVisual_heatmap(
  cellchat,
  measure = "weight",
  color.heatmap = "Reds",
  title.name = "Interaction strength"
)
```

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：CellChat 对象（已跑 aggregateNet）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[细胞通讯总数热图 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。