

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

通讯弦图 (Chord Diagram)

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: 网络与交互 | 依赖包: circlize

解决的生物学问题

不同细胞类型之间通过哪些信号通路进行通讯？通讯强度如何分布？

应用场景

- 细胞间通讯全景展示
- 特定信号通路的通讯网络
- 不同条件下通讯变化对比
- 配体-受体互动强度排序

输入数据格式

CellChat 对象 (已 computeCommunProb)

关键参数

- signaling 目标信号通路
- sources.use 发送细胞类型
- targets.use 接收细胞类型
- slot 通讯概率类型 (net / netP)
- color.use 细胞类型配色

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

3. 安装依赖

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

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(circlize)

# --- Demo: simulate cell-cell communication ---
set.seed(42)
cell_types <- c("T cells", "B cells", "Macrophages", "Fibroblasts", "Epithelial")
n <- length(cell_types)

# Create interaction matrix
mat <- matrix(sample(0:20, n*n, replace = TRUE), nrow = n,
              dimnames = list(cell_types, cell_types))
diag(mat) <- sample(0:5, n, replace = TRUE)

colors <- c("#dc2626", "#2563eb", "#059669", "#d97706", "#7c3aed")
names(colors) <- cell_types

# --- Plot ---
circos.clear()
chordDiagram(mat, grid.col = colors, transparency = 0.3,
             annotationTrack = c("grid", "name"),
             preAllocateTracks = list(track.height = 0.05))
title("Cell-Cell Communication Network")
```

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 `computeCommunProb`）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[通讯弦图 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。