

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

表达热图 (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: 聚类可视化 | 依赖包: pheatmap

解决的生物学问题

差异基因在各样本间的表达模式是否一致？是否存在共表达模块？

应用场景

- 展示 top DE 基因的表达模式
- 样本聚类验证分组
- 识别共调控基因模块
- 多组比较的表达全景

输入数据格式

矩阵: gene × sample + 样本注释表

关键参数

- 展示基因数 (top 20-50)
- 聚类方法 (ward.D2 / complete)
- 距离度量 (euclidean / correlation)
- z-score 归一化方向 (row)
- 颜色断点范围 (-3 到 3)

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(pheatmap)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
genes <- paste0("Gene", 1:30)
samples <- paste0("S", 1:8)
mat <- matrix(rnorm(30*8, mean = 8, sd = 2), nrow = 30, dimnames = list(genes, samples))
mat[1:15, 1:4] <- mat[1:15, 1:4] + 3 # Group A upregulated
mat[16:30, 5:8] <- mat[16:30, 5:8] + 3 # Group B upregulated

anno <- data.frame(Group = rep(c("Treatment", "Control"), each = 4), row.names = samples)
mat_z <- t(scale(t(mat)))

# --- Plot ---
pheatmap(mat_z,
  color = colorRampPalette(c("#2563eb", "white", "#dc2626"))(100),
  breaks = seq(-3, 3, length.out = 101),
  annotation_col = anno,
  show_colnames = TRUE, fontsize_row = 8,
  main = "Top DE Genes Heatmap")
```

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：矩阵：gene × sample + 样本注释表
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[表达热图 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。