

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

# 免疫细胞组间对比 (Immune Group Boxplot)

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: 分布可视化 | 依赖包: ggplot2、reshape2

## 解决的生物学问题

哪些免疫细胞在分组间显著差异浸润? 这些差异是否和临床表型一致?

## 应用场景

- Tumor vs Normal 免疫差异
- 高低风险组免疫格局对比
- Responder vs Non-responder 免疫预测
- 亚型间免疫差异

## 输入数据格式

数据框: CellType, Sample, Score, Group

## 关键参数

- 筛选 top variable cells (cap 12)
- stat\_compare\_means 加 p 值
- facet\_wrap 单独看每细胞

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

## 3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ggplot2", "reshape2"))

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

## 完整代码

```
library(ggplot2)
library(reshape2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n_samples <- 60
mat <- matrix(rnorm(8 * n_samples), 8, n_samples)
rownames(mat) <- c('CD8 T', 'Treg', 'Macrophages', 'NK', 'DC', 'Tfh', 'Th1', 'MDSC')
grp <- rep(c('Tumor', 'Normal'), each = n_samples/2)
mat[1,] <- mat[1,] + ifelse(grp == 'Tumor', 0.8, 0)
mat[3,] <- mat[3,] + ifelse(grp == 'Tumor', 1.2, 0)

df <- melt(mat); colnames(df) <- c('CellType', 'Sample', 'Score')
df$Group <- grp[df$Sample]

ggplot(df, aes(CellType, Score, fill = Group)) +
  geom_boxplot(outlier.size = 0.5, width = 0.7) +
  scale_fill_manual(values = c(Tumor = '#dc2626', Normal = '#2563eb')) +
  labs(x = NULL, y = 'ssGSEA Score', title = 'Immune Infiltration: Group Comparison')
  theme_classic() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 9), legend.position
```

## 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：CellType, Sample, Score, Group
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

## 延伸阅读

- 相关教程：[免疫细胞组间对比 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。