

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

免疫细胞堆叠图 (Immune Composition Stack)

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

每个样本的免疫微环境组成是什么样? 组间免疫格局有差异吗?

应用场景

- TCGA 队列免疫浸润全景图
- Tumor vs Normal 免疫格局对比
- 治疗前后免疫细胞变化
- 亚型分类下的免疫差异

输入数据格式

矩阵: 行=免疫细胞, 列=样本, 值=ssGSEA score (已归一化到 0-1)

关键参数

- 归一化 (每细胞 min-max)
- ggplot fill 色板 (28 色)
- 样本顺序 (聚类 / 风险分组)

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-composition.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/immune-composition.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_cells <- 12; n_samples <- 30
mat <- matrix(runif(n_cells * n_samples), n_cells, n_samples)
mat <- t(apply(mat, 1, function(x) (x - min(x)) / (max(x) - min(x) + 1e-10)))
rownames(mat) <- c('CD8 T', 'CD4 T', 'Treg', 'B cells', 'NK', 'Macrophages', 'DC', 'Neutrophils')
colnames(mat) <- paste0('S', 1:n_samples)

df <- melt(mat); colnames(df) <- c('CellType', 'Sample', 'Score')
df$Sample <- factor(df$Sample, levels = colnames(mat))

ggplot(df, aes(x = Sample, y = Score, fill = CellType)) +
  geom_bar(stat = 'identity', position = 'fill', width = 0.9) +
  scale_y_continuous(labels = scales::percent) +
  labs(x = NULL, y = 'Relative Proportion', title = 'Immune Cell Composition (ssGSEA)') +
  theme_classic() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1, size = 7), legend.text = element_text(size = 7))
```

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：行=免疫细胞，列=样本，值=ssGSEA score（已归一化到 0-1）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[免疫细胞堆叠图 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。