

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

免疫细胞相关性热图 (Immune Correlation 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：分布可视化 | 依赖包：ggplot2、reshape2

解决的生物学问题

哪些免疫细胞协同浸润？哪些互斥？这种共浸润模式在不同肿瘤是否一致？

应用场景

- 发现免疫共浸润模块
- 识别拮抗的免疫细胞对
- 免疫亚型聚类的依据
- 和临床预后建立联系

输入数据格式

矩阵：行=免疫细胞，列=样本，值=ssGSEA raw score

关键参数

- 相关方法（spearman 默认，对极端值稳健）
- 色板（红蓝双向）
- 对角线处理（自相关 = 1）

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(ggplot2)
library(reshape2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
n_cells <- 14; n_samples <- 60
mat <- matrix(rnorm(n_cells * n_samples), n_cells, n_samples)
# Inject correlation structure
mat[2,] <- mat[1,] + rnorm(n_samples, 0, 0.5) # CD4 ~ CD8
mat[5,] <- -mat[1,] + rnorm(n_samples, 0, 0.5) # NK anti-CD8
rownames(mat) <- c('CD8 T', 'CD4 T', 'Treg', 'B', 'NK', 'Macrophages', 'DC', 'Neutrophils',
# ... other cell types ...

cor_mat <- cor(t(mat), method = 'spearman')
df <- melt(cor_mat); colnames(df) <- c('A', 'B', 'r')

ggplot(df, aes(A, B, fill = r)) +
  geom_tile(color = 'white') +
  scale_fill_gradient2(low = '#2563eb', mid = 'white', high = '#dc2626', midpoint = 0)
  labs(x = NULL, y = NULL, title = 'Immune Cell Co-infiltration (Spearman)', fill = 'r')
  theme_classic() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 9))
```

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

延伸阅读

- 相关教程：[免疫细胞相关性热图 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。