

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

免疫平均浸润度 (Immune Mean Lollipop)

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

解决的生物学问题

这个队列的免疫主旋律是什么？哪种免疫细胞最主导？

应用场景

- 展示队列整体免疫格局
- 对比不同癌种的免疫主旋律
- Cohort summary figure
- 排序后做选择性后续分析

输入数据格式

矩阵: 行=免疫细胞, 列=样本, 值=ssGSEA score

关键参数

- rowMeans 计算平均
- sort 按浸润度排序
- geom_segment + geom_point 组合

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
cells <- c('CD8 T', 'CD4 T', 'Treg', 'B', 'NK', 'Macrophages', 'DC', 'Neutrophils', 'Mast', 'T')
scores <- runif(length(cells), 0, 1)
names(scores) <- cells
scores <- sort(scores, decreasing = TRUE)

df <- data.frame(CellType = factor(names(scores), levels = rev(names(scores))), MeanScore = scores)

ggplot(df, aes(x = MeanScore, y = CellType)) +
  geom_segment(aes(x = 0, xend = MeanScore, y = CellType, yend = CellType), color = 'red') +
  geom_point(size = 3, color = '#2e8555') +
  labs(x = 'Mean ssGSEA Score', y = NULL, title = 'Immune Cell Infiltration Level') +
  theme_classic() +
  theme(plot.title = element_text(size = 13, face = 'bold'))
```

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

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

延伸阅读

- 相关教程: [免疫平均浸润度 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。

