

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

气泡图 (KEGG Bubble)

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: 功能富集 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

不同实验条件下的 KEGG 通路富集模式有何异同?

应用场景

- 多组差异基因通路对比
- 时间序列通路动态变化
- 上下调基因分别富集对比
- 多组学通路交叉验证

输入数据格式

compareCluster 结果或自定义富集数据框

关键参数

- compareCluster formula 分组公式
- size 气泡大小映射 (Count / GeneRatio)
- color 颜色映射 (p.adjust)
- facet 分面变量
- label_format 标签换行宽度

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

3. 安装依赖

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

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo: multi-group comparison ---
set.seed(42)
pathways <- c("Cell cycle", "Apoptosis", "MAPK signaling", "PI3K-Akt",
              "TNF signaling", "p53 signaling", "Wnt signaling", "mTOR signaling")
groups <- c("Up-regulated", "Down-regulated")

compare_df <- expand.grid(Description = pathways, Cluster = groups)
compare_df$GeneRatio <- runif(16, 0.03, 0.2)
compare_df$p.adjust <- runif(16, 0.001, 0.05)
compare_df$Count <- sample(5:30, 16, replace = TRUE)

# --- Plot ---
ggplot(compare_df, aes(x = Cluster, y = reorder(Description, GeneRatio))) +
  geom_point(aes(size = Count, color = p.adjust)) +
  scale_color_gradient(low = "#dc2626", high = "#2563eb") +
  scale_size_continuous(range = c(3, 10)) +
  labs(x = NULL, y = NULL, title = "KEGG Pathway Comparison",
       color = "p.adjust", size = "Count") +
  theme_classic() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```

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：compareCluster 结果或自定义富集数据框
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[气泡图完整流程](#)
- 出现 bug？欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。