

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

KEGG 气泡 (KEGG Dotplot)

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

差异基因主要参与哪些 KEGG 信号通路? 哪些通路的富集最为显著?

应用场景

- KEGG 通路富集结果展示
- 信号通路优先级排序
- 多组对比通路差异
- 筛选后续实验验证通路

输入数据格式

enrichKEGG 结果对象

关键参数

- showCategory 展示通路数 (15-20)
- organism KEGG 物种代码 (hsa)
- pvalueCutoff 阈值
- x 轴变量 (GeneRatio / Count)
- color 着色变量 (p.adjust / qvalue)

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-dotplot.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/kegg-dotplot.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)
kegg_terms <- c("PI3K-Akt signaling", "MAPK signaling", "Cell cycle",
               "p53 signaling", "Apoptosis", "TNF signaling",
               "NF-kappa B signaling", "Wnt signaling", "mTOR signaling",
               "Jak-STAT signaling", "HIF-1 signaling", "FoxO signaling")
kegg_df <- data.frame(
  Description = kegg_terms,
  GeneRatio = runif(12, 0.04, 0.2),
  p.adjust = sort(runif(12, 0.001, 0.045)),
  Count = sample(8:45, 12)
)

# --- Plot ---
ggplot(kegg_df, aes(x = GeneRatio, 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 = "Gene Ratio", y = NULL, title = "KEGG Pathway Enrichment",
       color = "p.adjust", size = "Count") +
  theme_classic() +
  theme(axis.text.y = element_text(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：enrichKEGG 结果对象
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[KEGG 气泡 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。