

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

多组学整合热图 (Multi-omics 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: 聚类可视化 | 依赖包: ComplexHeatmap、circlize

解决的生物学问题

不同组学层在样本水平上的变化是否一致? 哪些样本在多个层面同时异常?

应用场景

- CPTAC 蛋白基因组联合
- Multi-omics 肿瘤亚型
- 代谢通路 & 基因表达对应
- 药物响应多层联合分析

输入数据格式

三个矩阵: rna_mat、prot_mat、metab_mat (行 = feature, 列 = 样本) + 样本注释

关键参数

- HeatmapList %v% 垂直拼接
- cluster_columns 共享列聚类
- top_annotation 共享样本注释
- show_row_dend = FALSE 简化外观

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/multi-omics-heatmap.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/multi-omics-heatmap.csv
```

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ComplexHeatmap", "circlize"))

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

完整代码

```
library(ComplexHeatmap)
library(circlize)

# --- Demo data: 3 omics layers, same 12 samples ---
set.seed(42)
n_samp <- 12
sample_names <- paste0("S", 1:n_samp)

# Group: 6 tumor + 6 normal
group <- factor(rep(c("Tumor", "Normal"), each = 6))

mk_layer <- function(n_feat, label) {
  m <- matrix(rnorm(n_feat * n_samp), nrow = n_feat)
  # Inject group difference
  m[1:floor(n_feat / 2), 1:6] <- m[1:floor(n_feat / 2), 1:6] + 2
  rownames(m) <- paste0(label, "_", 1:n_feat)
  colnames(m) <- sample_names
  m
}

rna <- mk_layer(20, "Gene")
prot <- mk_layer(15, "Prot")
metab <- mk_layer(10, "Metab")

# --- Shared column annotation ---
```

```
col_anno <- HeatmapAnnotation(  
  Group = group,  
  col = list(Group = c(Tumor = "#dc2626", Normal = "#2563eb")),  
  show_legend = TRUE  
)  
  
col_fun <- colorRamp2(c(-2, 0, 2), c("#2563eb", "white", "#dc2626"))  
  
ht1 <- Heatmap(rna, name = "mRNA", col = col_fun,  
  top_annotation = col_anno,  
  row_title = "mRNA", show_column_names = FALSE,  
  show_row_dend = FALSE)  
ht2 <- Heatmap(prot, name = "Protein", col = col_fun,  
  row_title = "Protein", show_column_names = FALSE,  
  show_row_dend = FALSE, show_column_dend = FALSE)  
ht3 <- Heatmap(metab, name = "Metabolite", col = col_fun,  
  row_title = "Metabolite",  
  show_row_dend = FALSE, show_column_dend = FALSE)  
  
draw(ht1 %v% ht2 %v% ht3,  
  column_title = "Multi-omics Integration",  
  merge_legend = TRUE)
```

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：三个矩阵：rna_mat、prot_mat、metab_mat（行 = feature，列 = 样本）+ 样本注释
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

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