

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

交互三维降维 (3D PCA / UMAP (Plotly))

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: 降维可视化 | 依赖包: plotly、Rtsne

解决的生物学问题

2D 投影看不出来的子结构, 3D 视角下能否揭示?

应用场景

- 报告 PPT 里展示交互降维
- 论文补充材料 HTML 嵌入
- 复杂数据集探索性分析
- 教学演示降维概念

输入数据格式

数据框: PC1, PC2, PC3 (或 UMAP1/2/3) + group

关键参数

- `n_components = 3`
- `marker.size = 4`
- `opacity = 0.8`
- `scene.aspectmode = "data"`

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/plotly-3d.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/plotly-3d.csv
```

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("plotly", "Rtsne"))

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

完整代码

```
library(plotly)
library(Rtsne)

# --- Demo: iris in 3D ---
data(iris)
set.seed(42)

# --- PCA in 3D ---
pca <- prcomp(iris[, 1:4], scale. = TRUE)
df <- data.frame(
  PC1 = pca$x[, 1],
  PC2 = pca$x[, 2],
  PC3 = pca$x[, 3],
  Species = iris$Species
)

plot_ly(
  df, x = ~PC1, y = ~PC2, z = ~PC3,
  color = ~Species,
  colors = c("#dc2626", "#2563eb", "#059669"),
  marker = list(size = 5, opacity = 0.85),
  type = "scatter3d", mode = "markers"
) %>%
  layout(
```

```
title = "3D PCA - Iris",
scene = list(
  xaxis = list(title = "PC1"),
  yaxis = list(title = "PC2"),
  zaxis = list(title = "PC3"),
  aspectmode = "data"
)
```

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：数据框：PC1, PC2, PC3 (或 UMAP1/2/3) + group
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件



延伸阅读

- 后续将补充配套教程
- 出现 bug? 欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。

