

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

蛋白互作网络 (PPI Network)

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: 网络与互作 | 依赖包: STRINGdb、igraph、ggraph、tidygraph

解决的生物学问题

我的差异蛋白之间有多少已知的互作关系? 哪些是 hub 节点?

应用场景

- 蛋白组分析后找 hub 蛋白
- RNA-seq 差异基因功能模块
- 药靶筛选与靶点优先级
- 通路成员物理交互验证

输入数据格式

差异基因/蛋白列表 + 物种 ID (人 = 9606)

关键参数

- species = 9606 (人)
- score_threshold (互作置信度, 400 / 700 / 900)
- network_type = "physical" (物理互作) / "full"
- add_diff_exp_color (按 log2FC 着色)

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("STRINGdb", "igraph", "ggraph", "tidygraph"))

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



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

完整代码

```
library(STRINGdb)
library(igraph)
library(ggraph)
library(tidygraph)

# --- Demo gene list ---
genes <- c("TP53", "BRCA1", "BRCA2", "EGFR", "MYC", "CDK1", "CDK2", "CCNB1",
           "MDM2", "RB1", "E2F1", "CCNE1", "CDKN1A", "CDKN2A", "ATM")
log2fc <- setNames(rnorm(length(genes), 0, 1.5), genes)

# --- STRING ---
string_db <- STRINGdb$new(
  version = "12.0",
  species = 9606,
  score_threshold = 700,
  network_type = "physical",
  input_directory = ""
)
mapped <- string_db$map(data.frame(gene = genes), "gene", removeUnmappedRows = TRUE)
edges <- string_db$get_interactions(mapped$STRING_id)

# Convert STRING IDs back to gene symbols
id_to_gene <- setNames(mapped$gene, mapped$STRING_id)
edges_g <- data.frame(
  from = id_to_gene[edges$from],
  to = id_to_gene[edges$to],
```

```

weight = edges$combined_score / 1000
)

g <- as_tbl_graph(edges_g, directed = FALSE) %>%
  activate(nodes) %>%
  mutate(degree = centrality_degree(),
         log2fc = log2fc[name])

# --- Plot ---
ggraph(g, layout = "fr") +
  geom_edge_link(aes(alpha = weight), edge_colour = "grey60") +
  geom_node_point(aes(size = degree, color = log2fc)) +
  geom_node_text(aes(label = name), repel = TRUE, size = 3) +
  scale_color_gradient2(low = "#2563eb", mid = "white", high = "#dc2626") +
  scale_size(range = c(2, 8)) +
  theme_void() +
  ggtitle("PPI Network – STRING (score > 700)")

```



SHENGXIN F3



SHENGXIN F3

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：差异基因/蛋白列表 + 物种 ID（人 = 9606）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

BioF3
SHENGXIN F3BioF3
SHENGXIN F3

延伸阅读

- 相关教程：[蛋白互作网络完整流程](#)
- 出现 bug？欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。

BioF3
SHENGXIN F3BioF3
SHENGXIN F3