

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Reactome 通路树 (Reactome Pathway Tree)

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：clusterProfiler、enrichplot、org.Hs.eg.db、DOSE

解决的生物学问题

富集到几十条通路，但很多是冗余的——能不能把它们按相似性聚成几大主题？

应用场景

- 富集结果去冗余呈现
- 论文图替代长 dotplot
- GO BP 大量条目时聚类
- 多组对比通路主题对比

输入数据格式

enrichResult 对象 (clusterProfiler::enrichGO / enrichKEGG / enrichPathway)

关键参数

- showCategory = 30 (参与聚类的 top N)
- nCluster = 4-6 (树枝数)
- hclust_method = "ward.D"
- group_color 自定义簇配色

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

3. 安装依赖

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

# Bioconductor 包 (如需)
# BiocManager::install(c("clusterProfiler", "enrichplot", "org.Hs.eg.db"))
```

完整代码

```
library(clusterProfiler)
library(enrichplot)
library(org.Hs.eg.db)

# --- Demo: built-in geneList ---
data(geneList, package = "DOSE")
genes <- names(geneList)[abs(geneList) > 2]

ego <- enrichGO(
  gene          = genes,
  OrgDb         = org.Hs.eg.db,
  ont           = "BP",
  pAdjustMethod = "BH",
  pvalueCutoff  = 0.05,
  qvalueCutoff  = 0.1,
  readable      = TRUE
)

# --- Tree plot ---
ego2 <- pairwise_termsim(ego)
treeplot(
  ego2,
  showCategory = 30,
  cluster.params = list(label_words_n = 4),
```

```
fontsize = 4
) +
ggtitle("Reactome / GO Enrichment Tree")
```

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：enrichResult 对象（clusterProfiler::enrichGO / enrichKEGG / enrichPathway）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[Reactome 通路树 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。