

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

相关性热图（Correlation 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：pheatmap、RColorBrewer

解决的生物学问题

样本之间的整体相似性如何？是否存在批次效应或离群样本？

应用场景

- RNA-seq 实验质控
- 检测批次效应
- 识别离群样本
- 验证生物学重复一致性

输入数据格式

归一化表达矩阵（VST / log2）

关键参数

- 距离度量（euclidean / pearson / spearman）
- 归一化方法（VST / rlog）
- 颜色梯度（Blues / RdBu）
- 是否显示数值标签

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("pheatmap", "RColorBrewer"))

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

完整代码

```
library(pheatmap)
library(RColorBrewer)

# --- Demo data ---
set.seed(42)
samples <- paste0("S", 1:8)
mat <- matrix(rnorm(5000*8, mean = 10, sd = 3), nrow = 5000, dimnames = list(NULL, samples))
# Add batch effect to first 4 samples
mat[, 1:4] <- mat[, 1:4] + 1.5

anno <- data.frame(
  Group = rep(c("Treatment", "Control"), each = 4),
  row.names = samples
)

d <- dist(t(mat))

# --- Plot ---
pheatmap(as.matrix(d),
  clustering_distance_rows = d,
  clustering_distance_cols = d,
  annotation_row = anno,
```

```
col = colorRampPalette(rev(brewer.pal(9, "Blues")))(255),  
main = "Sample Distance Heatmap")
```

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：归一化表达矩阵（VST / log2）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[相关性热图 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。