

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

桑基图 (Sankey Plot)

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: networkD3

解决的生物学问题

细胞类型在不同条件下如何重新分布? 通路成员如何映射到下游模块?

应用场景

- 细胞类型在治疗前后流转
- 原始 cluster 与人工注释对应
- Pathway → 基因 → 表型映射
- GO term 在多通路间的重叠

输入数据格式

数据框: source, target, value (每条流的起点 / 终点 / 权重)

关键参数

- nodes data.frame (label / color)
- links data.frame (source / target / value)
- fontSize (节点字号)
- sinksRight = TRUE 终点对齐右

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("networkD3"))

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

完整代码

```
library(networkD3)

# --- Demo data: cell type re-distribution after treatment ---
nodes <- data.frame(
  name = c("Pre_T", "Pre_B", "Pre_NK", "Pre_Mono",
           "Post_T", "Post_B", "Post_NK", "Post_Mono", "Post_Apoptotic")
)
links <- data.frame(
  source = c(0, 0, 1, 1, 2, 3, 3),
  target = c(4, 8, 5, 8, 6, 7, 8),
  value = c(60, 15, 40, 20, 30, 50, 25)
)

sankeyNetwork(
  Links = links, Nodes = nodes,
  Source = "source", Target = "target", Value = "value",
  NodeID = "name",
  fontSize = 12, nodeWidth = 18,
  sinksRight = TRUE,
  height = 400, width = 700
)
```

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：source, target, value（每条流的起点 / 终点 / 权重）
- 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。