

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

集合交集图 (UpSet 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: 聚类可视化 | 依赖包: UpSetR

解决的生物学问题

不同分析方法 / 不同条件之间的差异基因有多少交集? 哪些是各方法独有?

应用场景

- DESeq2 / edgeR / limma 多工具对比
- 多组比较的差异基因交集
- 富集结果的通路重叠
- Multi-omics 共享 feature

输入数据格式

基因集列表 (list of vectors) 或 0/1 矩阵

关键参数

- nsets (要展示的集合数量)
- `order.by = "freq"` (按交集大小排序)
- mainbar.y.label / sets.x.label
- sets.bar.color (每个集合的颜色)

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(UpSetR)

# --- Demo data: gene lists from 4 methods ---
set.seed(42)
all_genes <- paste0("Gene", 1:500)
gene_sets <- list(
  DESeq2 = sample(all_genes, 200),
  edgeR = sample(all_genes, 220),
  limma = sample(all_genes, 180),
  NOISeq = sample(all_genes, 160)
)

# --- UpSet plot ---
upset(
  fromList(gene_sets),
  nsets = 4,
  nintersects = 15,
  order.by = "freq",
  decreasing = TRUE,
  mainbar.y.label = "Intersection size",
  sets.x.label = "Set size",
  sets.bar.color = c("#dc2626", "#2563eb", "#059669", "#d97706"),
  matrix.color = "#0f172a",
  main.bar.color = "#475569",
  point.size = 3,
  line.size = 1,
```

```
text.scale = c(1.2, 1.1, 1.1, 1, 1.1, 1.1)
)
```

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：基因集列表（list of vectors）或 0/1 矩阵
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[集合交集图 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。