

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

WGCNA 模块-性状 (WGCNA Module-Trait)

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：WGCNA、ComplexHeatmap、circlize

解决的生物学问题

哪些共表达模块与肿瘤分期/生存/突变状态最相关？后续重点研究哪个模块？

应用场景

- WGCNA 标准下游分析
- 肿瘤模块-临床关联
- 发育时期-基因模块对应
- 药物处理时间-模块响应

输入数据格式

MEs 矩阵（样本 × 模块）+ trait 矩阵（样本 × 性状）

关键参数

- cor.method = "pearson" / "spearman"
- textMatrix 在每格写 r 和 p
- colorRamp 红蓝对称

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("WGCNA", "ComplexHeatmap", "circlize"))

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

完整代码

```
library(WGCNA)
library(ComplexHeatmap)
library(circlize)

# --- Demo: 50 样本 × 8 模块 + 4 性状 ---
set.seed(42)
n_samp <- 50
mod_names <- paste0("ME_", c("turquoise", "blue", "brown", "yellow", "green", "red", "black"))
MEs <- matrix(rnorm(n_samp * length(mod_names)), nrow = n_samp,
              dimnames = list(paste0("S", 1:n_samp), mod_names))

traits <- data.frame(
  Stage = sample(1:4, n_samp, replace = TRUE),
  OS_time = rexp(n_samp, 0.05),
  Status = rbinom(n_samp, 1, 0.4),
  Age = sample(40:80, n_samp, replace = TRUE)
)

# --- Compute correlations ---
mod_trait_cor <- cor(MEs, traits, method = "pearson")
mod_trait_p <- corPvalueStudent(mod_trait_cor, n_samp)

# --- Build text matrix: r (p) ---
text_mat <- matrix(
  paste0(round(mod_trait_cor, 2), "\n(", signif(mod_trait_p, 1), ")"),
  nrow = nrow(mod_trait_cor)
```

```

)

# --- Heatmap ---
col_fun <- colorRamp2(c(-1, 0, 1), c("#2563eb", "white", "#dc2626"))
Heatmap(
  mod_trait_cor,
  name = "Cor (r)",
  col = col_fun,
  cluster_rows = FALSE, cluster_columns = FALSE,
  cell_fun = function(j, i, x, y, w, h, fill) {
    grid::grid.text(text_mat[i, j], x, y,
                    gp = grid::gpar(fontsize = 9))
  },
  column_title = "Module-Trait Relationships",
  row_names_side = "left",
  rect_gp = grid::gpar(col = "white", lwd = 1)
)

```



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：MEs 矩阵（样本 × 模块）+ trait 矩阵（样本 × 性状）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

BioF3
SHENGXIN F3

延伸阅读

- 相关教程：[WGCNA 模块-性状 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 F3BioF3
SHENGXIN F3