

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

干性评分 (CytoTRACE)

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: 降维可视化 | 依赖包: CytoTRACE、Seurat、ggplot2

解决的生物学问题

我的细胞群里哪些是干性细胞？哪些是已分化的？分化方向是什么？

应用场景

- 造血干细胞分化树
- 肿瘤干细胞识别
- 替代 monocle3 简单评分
- 与 PAGA / scVelo 互相印证

输入数据格式

Seurat 对象 / 表达矩阵 (行 = 基因, 列 = 细胞)

关键参数

- enableFast = TRUE 大数据加速
- subsamplesize (采样到 N 个细胞加速)
- parallel = TRUE 多线程

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("CytoTRACE", "ggplot2"))

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

完整代码

```
library(CytoTRACE)
library(Seurat)
library(ggplot2)

# --- Demo data ---
data("pbmc_small")
seu <- pbmc_small

if (!"umap" %in% Reductions(seu)) {
  seu <- ScaleData(seu, verbose = FALSE) %>%
    RunPCA(verbose = FALSE) %>%
    RunUMAP(dims = 1:10, verbose = FALSE)
}

# --- CytoTRACE ---
expr_mat <- as.matrix(GetAssayData(seu, slot = "counts"))
ct <- CytoTRACE(expr_mat, ncores = 1, subsamplesize = 100)

seu$cytotrace <- ct$CytoTRACE

# --- Plot UMAP colored by CytoTRACE ---
FeaturePlot(seu, features = "cytotrace") +
  scale_color_gradientn(colours = c("#2563eb", "white", "#dc2626"),
    name = "CytoTRACE\n(stemness)") +
  ggtitle("Predicted differentiation potential")
```

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：Seurat 对象 / 表达矩阵（行 = 基因，列 = 细胞）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[干性评分 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。