

空间表达 (Spatial Feature 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: 分布可视化 | 依赖包: squidpy、scanpy、matplotlib

解决的生物学问题

目标基因在组织中的空间表达模式如何？是否局限于特定解剖区域？

应用场景

- Marker 基因空间表达验证
- 空间差异表达基因展示
- 组织特异性基因定位
- 多基因空间共表达分析

输入数据格式

AnnData 空间对象 (adata.obsm["spatial"] 含坐标) + 目标基因名

关键参数

- color = [基因列表] (多基因拼图)
- img_key = "hires" (叠加组织底图)
- cmap = "viridis" (表达热度配色)
- ncols (拼图列数)

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("squidpy", "scanpy", "matplotlib"))

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

完整代码

```
import squidpy as sq
import scanpy as sc
import matplotlib.pyplot as plt

# --- Demo: Squidpy 内置小鼠脑 Visium HnE 真实数据 ---
adata = sq.datasets.visium_hne_adata()
sc.pp.normalize_total(adata, target_sum=1e4)
sc.pp.log1p(adata)

# --- 经典小鼠脑区 marker 基因空间表达 ---
# Mbp: 髓鞘 (白质) ; Hpca: 海马; Lamp5: 皮层; Ttr: 脉络丛
genes = [g for g in ["Mbp", "Hpca", "Lamp5", "Ttr"] if g in adata.var_names]
sc.pl.spatial(
    adata, color=genes,
    img_key="hires", ncols=2,
    cmap="viridis", show=False,
)
plt.savefig("plot_001.png", dpi=150, bbox_inches="tight")
```

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：AnnData 空间对象（`adata.obsm["spatial"]` 含坐标）+ 目标基因名
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[空间表达 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。