

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

拟时序 UMAP (Pseudotime UMAP)

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：ggplot2

解决的生物学问题

细胞沿分化轨迹的排列顺序如何？哪些细胞处于分化早期或晚期？

应用场景

- 单细胞拟时序分析结果展示
- 细胞分化轨迹可视化
- 发育过程细胞状态转换
- 肿瘤演化轨迹推断

输入数据格式

Monocle3 cds 对象 (已 learn_graph + order_cells)

关键参数

- color_cells_by 着色变量 (pseudotime)
- trajectory_graph_color 轨迹线颜色
- label_cell_groups 是否标注细胞群
- cell_size 点大小
- root_cells 起始细胞选择

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo: simulate pseudotime on UMAP ---
set.seed(42)
n <- 600
# Create a curved trajectory
t <- seq(0, 2*pi*0.7, length.out = n)
umap1 <- t * cos(t/2) + rnorm(n, 0, 0.4)
umap2 <- t * sin(t/2) + rnorm(n, 0, 0.4)
pseudotime <- seq(0, 1, length.out = n) + rnorm(n, 0, 0.02)
pseudotime <- pmin(pmax(pseudotime, 0), 1)

df <- data.frame(UMAP1 = umap1, UMAP2 = umap2, pseudotime = pseudotime)

# --- Plot ---
ggplot(df, aes(x = UMAP1, y = UMAP2, color = pseudotime)) +
  geom_point(size = 0.8, alpha = 0.8) +
  scale_color_viridis_c(option = "inferno") +
  labs(title = "Pseudotime Trajectory", color = "Pseudotime",
       x = "UMAP 1", y = "UMAP 2") +
  theme_void() +
  theme(legend.position = "right")
```

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：Monocle3 cds 对象（已 learn_graph + order_cells）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[拟时序 UMAP 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。