

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Python 轨迹图 (Scanpy PAGA)

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: scanpy、matplotlib

解决的生物学问题

我的 cluster 之间是否存在分化连接? 哪些 cluster 是过渡态?

应用场景

- 造血/神经发育轨迹
- 免疫细胞分化连接
- 替代 monocle3 的 Python 流程
- scVelo 预测前的 PAGA 草图

输入数据格式

AnnData 对象 (已跑 sc.tl.leiden)

关键参数

- groups = "leiden" (分组列)
- threshold (连接强度阈值, 0-1)
- init_pos = "paga" 用 PAGA 初始化 UMAP
- plot = True 自动出图

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

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

# --- Demo data ---
adata = sc.datasets.paul15()
sc.pp.recipe_zheng17(adata)
sc.tl.pca(adata, n_comps=20)
sc.pp.neighbors(adata, n_neighbors=15)
sc.tl.leiden(adata, resolution=0.6)

# --- PAGA ---
sc.tl.paga(adata, groups="leiden")

fig, axes = plt.subplots(1, 2, figsize=(14, 6))

# Panel 1: PAGA graph
sc.pl.paga(
    adata, threshold=0.05,
    color="leiden", title="PAGA graph",
    fontsize=10, ax=axes[0], show=False
)

# Panel 2: PAGA-initialized UMAP
sc.tl.umap(adata, init_pos="paga")
```

```
sc.pl.umap(
    adata, color="leiden",
    title="UMAP (PAGA-initialized)",
    legend_loc="on data", legend_fontsize=8,
    ax=axes[1], show=False
)

plt.suptitle("PAGA Trajectory – Paul15 hematopoiesis", y=1.02)
plt.tight_layout()
plt.savefig("plot_001.png", dpi=150, bbox_inches="tight")
print(f"Clusters: {adata.obs['leiden'].nunique()}")
```

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 对象（已跑 `sc.tl.leiden`）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[Python 轨迹图 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。