

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Python 差异 marker 热图 (Scanpy Rank Heatmap)

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：scanpy、matplotlib

解决的生物学问题

Python 流程下，每个 cluster 的特异 marker 在所有细胞上的分布如何？

应用场景

- Scanpy 标准下游
- 替代 Seurat::DoHeatmap
- 细胞数大时的高效热图
- 聚类质量直观验证

输入数据格式

AnnData 对象（已跑 `sc.tl.rank_genes_groups`）

关键参数

- `n_genes`（每 cluster 取前 N）
- `groupby = "leiden"`
- `show_gene_labels = True`
- `standard_scale = "var"`

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-rank-heatmap.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/py-rank-heatmap.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 ---
adata = sc.datasets.pbmc3k_processed()

# --- Find DEGs per cluster ---
sc.tl.rank_genes_groups(adata, "louvain", method="wilcoxon", n_genes=10)

# --- Heatmap ---
sc.pl.rank_genes_groups_heatmap(
    adata,
    n_genes=5,
    groupby="louvain",
    standard_scale="var",
    show_gene_labels=True,
    cmap="RdBu_r",
    figsize=(11, 7),
    save=False, show=False
)
plt.tight_layout()
plt.savefig("plot_001.png", dpi=150, bbox_inches="tight")
print("Top 5 markers per cluster plotted")
```

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.rank_genes_groups`）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[Python 差异 marker 热图 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。