

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Python 堆叠小提琴 (Scanpy Stacked Violin)

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

每个 marker 在各 cluster 的表达分布形状如何? 是双峰还是单峰?

应用场景

- 替代 DotPlot 看分布形状
- Bimodal expression 检测
- 论文 Figure 2 marker 详情图
- Scanpy 流程标准图

输入数据格式

AnnData 对象 + marker 基因列表

关键参数

- stripplot = False (不叠 strip)
- jitter = False
- rotation = 90 旋转 cluster 标签
- swap_axes = False

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-violin-stack.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/py-violin-stack.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: built-in PBMC 3k ---
adata = sc.datasets.pbmc3k_processed()

# --- Marker panel ---
markers = [
    "CD3D", "CD3E", "CD8A",      # T cells
    "MS4A1", "CD79A",           # B cells
    "LYZ", "CD14",              # Monocytes
    "GNLY", "NKG7",             # NK
    "FCER1A",                   # Dendritic
    "PPBP",                     # Megakaryocyte
]
markers = [m for m in markers if m in adata.var_names]

# --- Stacked violin ---
sc.pl.stacked_violin(
    adata,
    var_names=markers,
    groupby="louvain",
    swap_axes=False,
    figsize=(10, 6),
```

```
cmap="Reds",
standard_scale="var",
title="Marker expression – stacked violin",
save=False, show=False
)
plt.tight_layout()
plt.savefig("plot_001.png", dpi=150, bbox_inches="tight")
print(f"Plotted {len(markers)} markers across {adata.obs['louvain'].nunique()} clusters")
```

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 + marker 基因列表
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件



延伸阅读

- 相关教程：[Python 堆叠小提琴 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。

