

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

细胞周期评分 (Cell Cycle Scoring)

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: Seurat、patchwork

解决的生物学问题

我的细胞分群是不是被细胞周期主导? 需不需要在 ScaleData 中 regress.out?

应用场景

- 增殖型肿瘤数据
- 干细胞分化研究
- 免疫激活相关 cluster 排查
- 回归周期效应前后对比

输入数据格式

Seurat 对象 (含 RNA assay)

关键参数

- `s.features / g2m.features = cc.genes` (包内置)
- `set.ident = TRUE` 把 Phase 当主标签
- `regress.out = TRUE/FALSE` 决定是否在 ScaleData 去除

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(Seurat)
library(patchwork)

# --- Demo data ---
data("pbmc_small")
seu <- pbmc_small

# Built-in cell cycle gene lists (pbmc_small uses human symbols)
s.genes <- intersect(cc.genes$s.genes, rownames(seu))
g2m.genes <- intersect(cc.genes$g2m.genes, rownames(seu))

# --- Score cells ---
seu <- CellCycleScoring(seu, s.features = s.genes, g2m.features = g2m.genes,
  set.ident = FALSE)

# --- Visualizations ---
# (1) S vs G2M scatter, colored by called Phase
p1 <- FeatureScatter(seu, "S.Score", "G2M.Score", group.by = "Phase",
  plot.cor = FALSE) +
  geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "grey60") +
  geom_vline(xintercept = 0, linetype = "dashed", color = "grey60") +
  ggtitle("S vs G2M score")

# (2) UMAP colored by Phase (compute UMAP first if missing)
if (!"umap" %in% Reductions(seu)) {
  seu <- ScaleData(seu, verbose = FALSE)
```

```
seu <- RunPCA(seu, verbose = FALSE)
seu <- RunUMAP(seu, dims = 1:10, verbose = FALSE)
}
p2 <- DimPlot(seu, reduction = "umap", group.by = "Phase",
              cols = c(G1 = "#94a3b8", S = "#dc2626", G2M = "#2563eb")) +
  ggtitle("UMAP by Phase")

p1 | p2
```

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：Seurat 对象（含 RNA assay）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件



延伸阅读

- 相关教程：[细胞周期评分 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。

