

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

聚类 marker 热图 (Cluster DEG 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: Seurat、dplyr

解决的生物学问题

每个 cluster 的 top marker 是否真的特异? 有没有 marker 跨多个 cluster 表达?

应用场景

- 注释 cluster 后展示 markers
- 论文补充图 marker 全貌
- 比较两批数据 marker 一致性
- SubCluster 内部异质性检查

输入数据格式

Seurat 对象 + FindAllMarkers 结果

关键参数

- top_n (每 cluster 取前 N markers)
- `group.by` = "seurat_clusters"
- slot = "scale.data" (z-score)
- angle = 0 横排 cluster 标签

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

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
library(Seurat)
library(dplyr)

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

# --- Compute markers ---
all_markers <- FindAllMarkers(
  seu, only.pos = TRUE, min.pct = 0.25, logfc.threshold = 0.25,
  verbose = FALSE
)

top_n <- 5
top_markers <- all_markers %>%
  group_by(cluster) %>%
  slice_max(order_by = avg_log2FC, n = top_n) %>%
  pull(gene) %>% unique()

# --- Heatmap (Seurat built-in) ---
DoHeatmap(
  seu,
  features = top_markers,
  size = 3.5,
```

```
angle = 0
) +
scale_fill_gradientn(colours = c("#2563eb", "white", "#dc2626")) +
labs(title = sprintf("Top %d Markers per Cluster", top_n))
```

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 + FindAllMarkers 结果
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[聚类 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。