

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

Marker 气泡图 (Marker Bubble)

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、ggplot2

解决的生物学问题

哪些 marker 在哪些 cluster 中特异表达? 这些 cluster 应该注释成什么细胞类型?

应用场景

- 手动 cluster 注释
- 已知 marker 验证 cluster
- 论文 Figure 1B 经典图
- 多 marker panel 一图汇总

输入数据格式

Seurat 对象 + marker 基因列表

关键参数

- features (marker 基因列表)
- cols (min/max 颜色)
- dot.scale (点大小缩放)
- cluster.idents = TRUE 重排 cluster

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

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ggplot2"))

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

完整代码

```
library(Seurat)
library(ggplot2)

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

# --- Marker panel ---
markers <- c(
  "CD3D", "CD3E", "CD8A",      # T cells
  "MS4A1", "CD79A",          # B cells
  "LYZ", "CD14", "FCGR3A",    # Monocytes
  "GNLY", "NKG7"             # NK
)
markers <- markers[markers %in% rownames(seu)]

# --- DotPlot ---
DotPlot(
  seu,
  features = markers,
  cols     = c("#e5e7eb", "#dc2626"),
  dot.scale = 8,
  cluster.idents = TRUE
) +
```

```
RotatedAxis() +  
labs(x = NULL, y = NULL, title = "Cell Type Markers across Clusters") +  
theme(axis.text.x = element_text(face = "italic"))
```

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

延伸阅读

- 相关教程：[Marker 气泡图 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。