

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

单细胞质控三联图 (scRNA QC 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: 分布可视化 | 依赖包: Seurat、patchwork

解决的生物学问题

哪些细胞应该被过滤掉? 我的过滤阈值合理吗?

应用场景

- 10x Chromium 数据 QC
- Drop-seq / Smart-seq2 质控
- 多样本 QC 对比
- 过滤阈值定标参考

输入数据格式

Seurat 对象 (已计算 [percent.mt](#))

关键参数

- `features = c("nFeature_RNA","nCount_RNA", "percent.mt")`
- `group.by` (按样本/批次分组)
- `pt.size = 0` (不显示散点)
- `log = TRUE` 对 count 取 log

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-qc-violin.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/sc-qc-violin.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
seu[["percent.mt"]] <- PercentageFeatureSet(seu, pattern = "^MT-")

# Inject demo MT% if absent
if (all(seu$percent.mt == 0)) {
  set.seed(42)
  seu$percent.mt <- runif(ncol(seu), 0, 25)
}

# --- Three-panel violin ---
p1 <- VlnPlot(seu, features = "nFeature_RNA", pt.size = 0.3) +
  NoLegend() + ggtitle("Detected genes / cell")
p2 <- VlnPlot(seu, features = "nCount_RNA", pt.size = 0.3, log = TRUE) +
  NoLegend() + ggtitle("Total UMI / cell (log)")
p3 <- VlnPlot(seu, features = "percent.mt", pt.size = 0.3) +
  NoLegend() + ggtitle("% Mitochondrial reads")

p1 | p2 | p3
```

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（已计算 [percent.mt](#)）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[单细胞质控三联图 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。