

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

RNA 速率流场图 (scVelo Stream)

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: scvelo、scanpy

解决的生物学问题

细胞下一刻往哪个状态走? 分化轨迹的方向是从 A 到 B 还是反过来?

应用场景

- 分化方向推断
- 伪时序的方向性补充
- 动态过程速率定量
- PAGA 轨迹的方向证据

输入数据格式

AnnData 对象 (含 spliced / unspliced 矩阵, loom 格式)

关键参数

- mode = "stochastic" / "dynamical"
- n_neighbors = 30
- basis = "umap"
- density 流线密度

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/scvelo-stream.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/scvelo-stream.csv
```

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("scvelo", "scanpy"))

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

完整代码

```
import scvelo as scv
import scanpy as sc

# --- Demo: built-in pancreas dataset ---
adata = scv.datasets.pancreas()

# --- Standard preprocessing ---
scv.pp.filter_and_normalize(adata, min_shared_counts=20, n_top_genes=2000)
scv.pp.moments(adata, n_pcs=30, n_neighbors=30)

# --- Velocity (stochastic mode is fast for demo) ---
scv.tl.velocity(adata, mode="stochastic")
scv.tl.velocity_graph(adata)

# --- Stream plot on UMAP ---
scv.pl.velocity_embedding_stream(
    adata,
    basis="umap",
    color="clusters",
    title="RNA velocity stream",
    legend_loc="right margin",
    figsize=(8, 6),
    save="plot_001.png", show=False, dpi=150
```

```
)  
print(f"Cells: {adata.n_obs}, clusters: {adata.obs['clusters'].nunique()}")
```

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（含 spliced / unspliced 矩阵，loom 格式）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[RNA 速率流场图 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。