

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

空间高变基因 (Spatial Variable Genes (Moran's I))

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: squidpy、scanpy、matplotlib

解决的生物学问题

哪些基因的表达在空间上呈显著的聚集模式（而非随机分布）？这些 SVG 对应什么解剖区域？

应用场景

- 空间区域 marker 发现
- Visium 论文 Figure 2 SVG 展示
- 组织层次结构识别
- 空间高变基因 vs 单细胞 HVG 对比

输入数据格式

AnnData 空间对象 (adata.obsm["spatial"] 含坐标 + log-normalized 表达)

关键参数

- mode = "moran" (空间自相关方法)
- n_perms = 100 (置换检验次数)
- genes (测试的基因子集, 控制运行时长)
- I (Moran's I 值, 越大越聚集)

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/spatial-svg-moran.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/spatial-svg-moran.csv
```

3. 安装依赖

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

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

完整代码

```
import squidpy as sq
import scanpy as sc
import matplotlib.pyplot as plt

# --- Demo: Squidpy 内置小鼠脑 Visium HnE 真实数据 ---
adata = sq.datasets.visium_hne_adata()
sc.pp.normalize_total(adata, target_sum=1e4)
sc.pp.log1p(adata)
sc.pp.highly_variable_genes(adata, n_top_genes=200)

# --- 空间邻居图 + Moran's I 空间自相关 ---
# 演示用解析法 p 值 (n_perms=None, 秒级); 正式分析建议加 n_perms=100 做置换检验
sq.gr.spatial_neighbors(adata, coord_type="generic", n_neighs=6)
hvg = adata.var_names[adata.var["highly_variable"]].tolist()
sq.gr.spatial_autocorr(adata, mode="moran", genes=hvg, n_perms=None, n_jobs=4)

# --- Top 4 SVG 空间分布 ---
top_svgs = adata.uns["moranI"].sort_values("I", ascending=False).head(4).index.tolist()
sc.pl.spatial(adata, color=top_svgs, img_key="hires", ncols=2,
              cmap="viridis", show=False)
plt.savefig("plot_001.png", dpi=150, bbox_inches="tight")
```

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 空间对象（adata.obsm["spatial"] 含坐标 + log-normalized 表达）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[空间高变基因 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。