

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

空间邻接图 (Squidpy Spatial Neighbors)

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: 网络与交互 | 依赖包: squidpy、scanpy、matplotlib

解决的生物学问题

空间组里哪些细胞类型彼此挨着? 哪些是空间隔离的?

应用场景

- 肿瘤微环境邻接结构
- 组织 niche 识别
- 免疫细胞与肿瘤细胞接触分析
- 空间组论文 Figure 4 经典图

输入数据格式

AnnData 空间对象 (adata.obsm["spatial"] 含坐标 + obs.cell_type)

关键参数

- coord_type = "generic" / "grid"
- n_neighs = 6
- cluster_key = "cell_type"
- mode = "zscore"

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/squidpy-neighbors.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/squidpy-neighbors.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 built-in mouse brain ---
adata = sq.datasets.visium_hne_adata()

# --- Compute spatial neighbors graph ---
sq.gr.spatial_neighbors(adata, coord_type="generic", n_neighs=6)

# --- Neighborhood enrichment (z-score) ---
sq.gr.nhood_enrichment(adata, cluster_key="cluster")

fig, axes = plt.subplots(1, 2, figsize=(13, 5.5))

# Panel 1: spatial scatter
sc.pl.spatial(
    adata, color="cluster",
    img_key=None, spot_size=15,
    ax=axes[0], show=False, title="Tissue clusters"
)

# Panel 2: neighborhood enrichment heatmap
sq.pl.nhood_enrichment(
```

```
adata, cluster_key="cluster",
method="ward", cmap="RdBu_r",
ax=axes[1], title="Neighborhood enrichment (z-score)"
)

plt.tight_layout()
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 + obs.cell_type）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[空间邻接图 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。

