几乎每类细胞都上调 FOS、JUN，怎样排查组织解离应激?

用一套可手算的基因评分读出 FOS、JUN 等应激信号，再把细胞还原到供者、取材组织和解离分管，区分观察到的共同趋势与尚不能判断的原因。



运行教学示例

Python 3.10 以上，需 numpy、scipy、matplotlib。练习不依赖外部数据库，解压后可直接安装 requirements.txt 并运行。

```
python run.py --input example --out results
```

在解压后的资料包根目录运行。example 是教学输入，results 保存本次输出，expected 保存可供核对的参考结果。

输入字段

counts/、cells.tsv 原始 RNA MEX、每颗条码的样本编号和已有细胞类型。

samples.tsv、stress_genes.txt 供者、组织、处理批次、方案、时长和配对编号；每行一个预定应激基因。

核对输出，再换自己的数据

cell_scores.tsv、sample_type.tsv 逐细胞的可复算分数，以及样本内同种细胞的中位数和细胞数。

paired.tsv、missing_time.tsv、time-by-cell-type.png 同一个组织分管的配对差、缺时长样本和按类型分面的处理时长图。

用示例验算

1 5 份样本、两对同组织分管；每份各 8 颗 T 细胞、8 颗髓系细胞。

2 Pair1 中 T 细胞 warm 减 cool 约为 +1.663，髓系约为 +2.574。

3 D3U 保留分数但因处理时长缺失，列入 missing_time.tsv，不能画作 0 分钟。

换用真实数据

用自己参考的准确基因 ID 建一份预先定义的基因集，将真实取材、处理起止时间、保存和解离方案与样本匹配。按同标本分管编配对编号，多次不同取材时间不要冒充同一标本。

教学分数是文库大小归一化后基因 log 值的均值，不是 Seurat AddModuleScore。方案、温度和时长共同变化时无法单独估计任一因素的因果效应。

方法资料

组织解离诱导表达的原始研究

低温蛋白酶与常规解离的配对研究