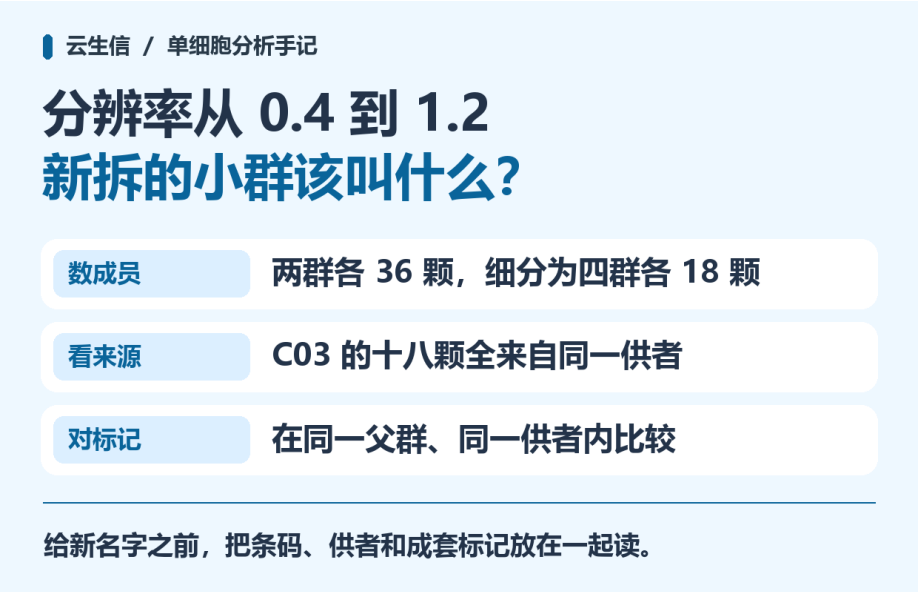
聚类分辨率从 0.4 调到 1.2，新拆出来的小群值得命名吗？

在同一张固定带权图上真正运行三次 Leiden，通过条码交叉表、供者覆盖和同一父群内的标记差异判断该如何给新群命名。



运行教学示例

示例实测 Python 3.12、igraph 1.0 和 leidenalg 0.12。解压后运行 python -m pip install -r requirements.txt。

```
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

edges.tsv、cells.tsv 模拟无向加权图，每对不重复。细胞表给出唯一条码和供者。

markers.tsv、settings.json 原始标记计数、全转录组总 UMI 和三档 Leiden 分辨率、随机种子。

核对输出，再换自己的数据

memberships.tsv、transitions.tsv 逐条码的三个分辨率标签，及相邻两档按来源、去向两种分母计算的交叉表。

donor_support.tsv、markers.tsv、sibling_contrasts.tsv 供者细胞数、每个候选标记的检出率及同父群相对其余细胞的表达差，缺失的可比项标 NA。

cluster_crosswalk.png 最粗与最细的两套分区之间按条码核对的计数图。

用示例验算

1 低档和中档均得到两个各 36 颗的群，最高档拆为四个各 18 颗的群。

2 细分群 C03 的十八个条码都来自 D1；C04 的十八颗分别来自三位供者，每位六颗。

3 在 D1 中，C03 对同父群其余细胞的 ISG15 平均对数表达差约 5.99。D2、D3 都缺少 C03 细胞，应为 NA。

换用真实数据

导出实际聚类用的边、权重和全局唯一条码，同一次对比固定图和随机种子。在每个供者内部比较同父群的候选分支，并保留未覆盖情况。

练习的图和计数为教学构造。固定一次随机种子仅控制本次演示，无法证明新群对建图、抽样或起始值均稳定。

方法资料

Leiden 模块与分辨率参考

Bioconductor 图聚类与生物学解释