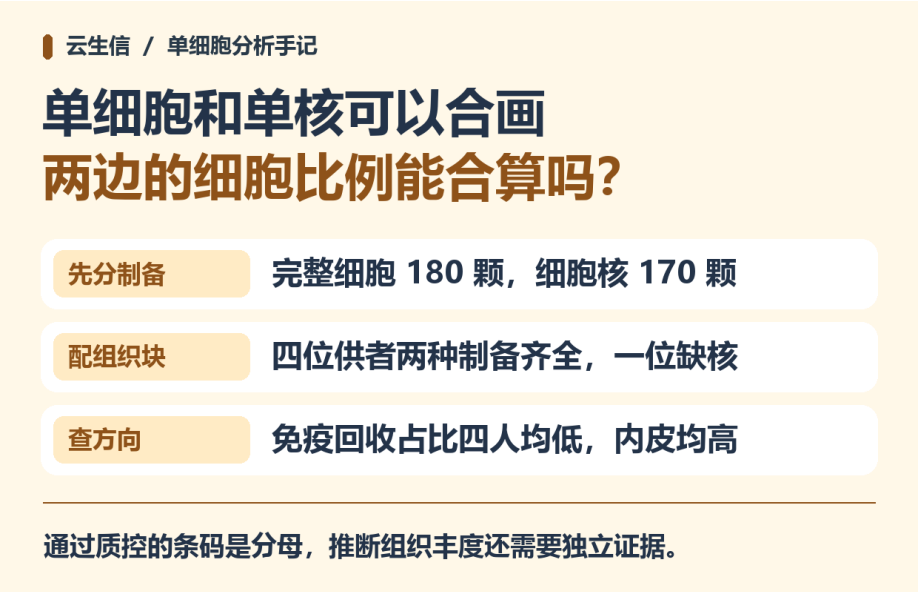
同一器官的单细胞和单核数据可以合画，细胞比例也能直接合算吗?

按同一供者、同一组织块配对统计整细胞和细胞核在各谱系中的回收比例，将真实零、缺失制备和不同分母分别保留。



运行教学示例

Python 3.10 或以上，需 numpy 和 matplotlib。在解压目录安装 requirements.txt 然后运行。

```
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

libraries.tsv、cells.tsv 每份文库的供者、组织块和制备方式，以及每个通过质控条码的细胞类型。

settings.json 共同类别和差值方向。本例为细胞核占比减完整细胞占比。

核对输出，再换自己的数据

per_library.tsv、pooled_recovery.tsv 逐文库与按制备合并的回收计数、分母和比例。

paired_specimen.tsv、donor_contrasts.tsv、paired_summary.tsv 同组织块的差值、独立供者的变化和未能配对的记录，另附配对折线图。

用示例验算

1 P2 的整细胞内皮占比 0/30，核样本为 8/40；P5 的核文库缺失，其配对差为 NA。

2 四位配对供者的免疫占比均降低，核减细胞的中位差为负 15 个百分点。

3 四位供者内皮占比均升高，中位差约 11.58 个百分点；上皮方向并不一致。

换用真实数据

使用已通过同口径质量检查和粗类复核的条码。保留同供者、组织块、制备和技术重复，先逐文库计数，再在同一组织块内做配对。

相对比例的变化会相互制约。示例不能估计绝对组织丰度；单核或整细胞哪类更容易恢复，要结合组织协议、配对数据和独立测量。

方法资料

Denisenko 等对组织处理与细胞回收偏差的实测

Ding 等比较单细胞和单核测序方法