FCER1A、CD1C 和单核细胞标记同时出现，怎样划出树突状细胞的边界?

逐条码比较 cDC2 与单核相关标记，按供者并排画共表达图，用独立保存的双细胞评分和文库深度挑选需要先复核的混合细胞。



运行教学示例

Python 3.10 或以上。安装 requirements.txt 后直接运行，不需要在线数据库。

```
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

myeloid_counts.tsv、qc.tsv 四位供者的 131 个教学条码、八种标记的原计数、原库深度和预设的示例双细胞评分。

settings.json 可调整的基因面板、最低测量计数、供者内深度分位和双细胞复核阈值。

核对输出，再换自己的数据

cells_review.tsv、mixed_candidates.tsv 逐条码的两个面板、深度和双细胞标志，并列出全部混合候选。

donor_review.tsv、depth_cutoffs.tsv、myeloid_by_donor.png 各供者实际分母、各类别数、深度门槛和共表达散点图。

用示例验算

1 四位供者共 131 颗，DC 样 40 颗、单核样 52 颗、证据不足 12 颗。

2 27 个双面板候选里 10 颗满足双重技术标志，另 17 颗保留混合表型。

3 第四位供者有 9 个双面板候选，其中 4 个优先技术复核、5 个留待进一步表型确认。

换用真实数据

从可信髓系大类提取条码；保留每个源文库和供者，核对环境背景与原始计数，在同文库范围解释既有双细胞评估。

程序输出为教学审阅队列。共表达不能自动定义 DC3、分化方向或双细胞；双细胞分数也需结合算法、捕获批次和正交证据。

方法资料

Villani 等的人血树突状细胞和单核细胞原研究

作者公开图谱与标记