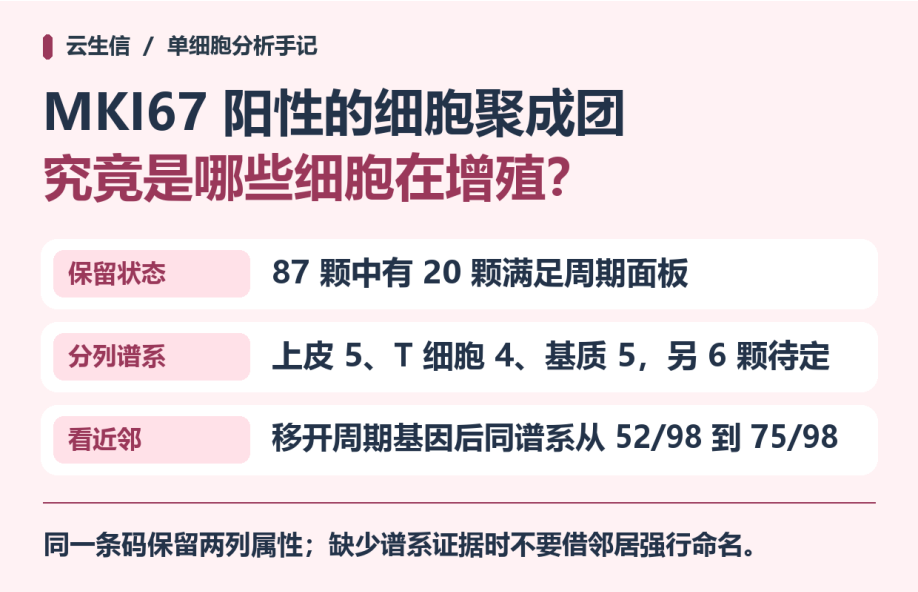
MKI67 阳性的细胞聚成一团，怎样查出究竟是谁在增殖？

用同一组条码保留增殖状态，再从建图特征中移开周期基因，逐颗追踪上皮、T 与基质候选的近邻，给谱系和状态各留一列。



运行教学示例

Python 3.10 或以上，安装 requirements.txt，使用同一份原计数完成两次 PCA 和近邻比较。

```
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.tsv 三位模拟供者的 87 颗细胞和全部 32 个表达特征的原始计数。

panels.json 八个周期特征、三个谱系面板、主成分维数和近邻数。

核对输出，再换自己的数据

lineage_state.tsv、donor_counts.tsv 每颗细胞的原始周期与谱系判断，以及逐供者的交叉计数。

neighbors.tsv、model_summary.tsv、cell_comparison.tsv 两套邻居名单、固定候选的同谱系/同状态比例、两套坐标和比较图。

用示例验算

1 20 颗增殖候选中，上皮 5、T 细胞 4、基质 5，另有 3 颗多谱系、3 颗证据不足。

2 在 14 颗单谱系增殖细胞的 98 条近邻关系中，同谱系由 52 条变为 75 条，同状态由 98 条变为 75 条。

3 两次均使用完整原始库深度和相同的 87 个条码，保留 32 项或移去 8 项后用 24 个特征建图。

换用真实数据

按组织背景设置谱系面板和周期程序，固定细胞、深度归一化与参数，另建不含周期特征的表示，同时保留原 RNA 与周期字段。

本练习给出近邻变化及转录程序支持。MKI67 或转录上活跃不能单独证明身份、恶性、分裂速度或克隆增殖。

方法资料

Seurat 周期评分教程

Tirosh 等肿瘤单细胞原始研究