SingleR 给出了一个很具体的标签，什么时候应该保留为“未确定”？

实际运行 SingleR，在同一张条码表核对分数中位差、微调差距与剪枝结果，再用未参与拟合的标记检查参考图谱缺类时的错误。



运行教学示例

离线核对需 Python 3.10、numpy、matplotlib。重新训练可用 R 和 Bioconductor SingleR，实测版本和完整 R 脚本已附。

```
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

reference_counts.tsv、query_counts.tsv、reference_labels.tsv 模拟参考、查询的拟合特征和五个参考标签。

fitted_scores.tsv、blind_panel.tsv、fit_singler.R 实际算法导出的全类分数与剪枝结果；独立保留未参与训练的标记面板。

核对输出，再换自己的数据

cell_review.tsv、decision_totals.tsv 逐条码复算分数中位差，保留原指派、剪枝与最终复核原因。

simulation_audit.tsv、SingleR_review.png 最后才使用教学设计标签判分，区分模糊样本与缺失参考类造成的误判。

用示例验算

1 五种参考内类型各十二个查询，六十个均获得未参与模型的面板支持。

2 十二个模糊查询均被 SingleR 实际剪枝，原始指派仍保留。

3 十二个参考未收录的模拟 NK 样查询均被模型认作 T 且通过剪枝，但独立面板不支持。

换用真实数据

输入自己的 SingleR 输出、真实条码和留出的验证标记，分别记下剪枝原因、参考范围及独立证据。真实项目没有教学答案表。

表达与标签为明确设计的模拟，算法及分数为实际运行所得。未参与训练的表达标记并非另一种实验，正式身份需独立参考或正交证据。

方法资料

SingleR 的注释诊断

SingleR 原始软件包