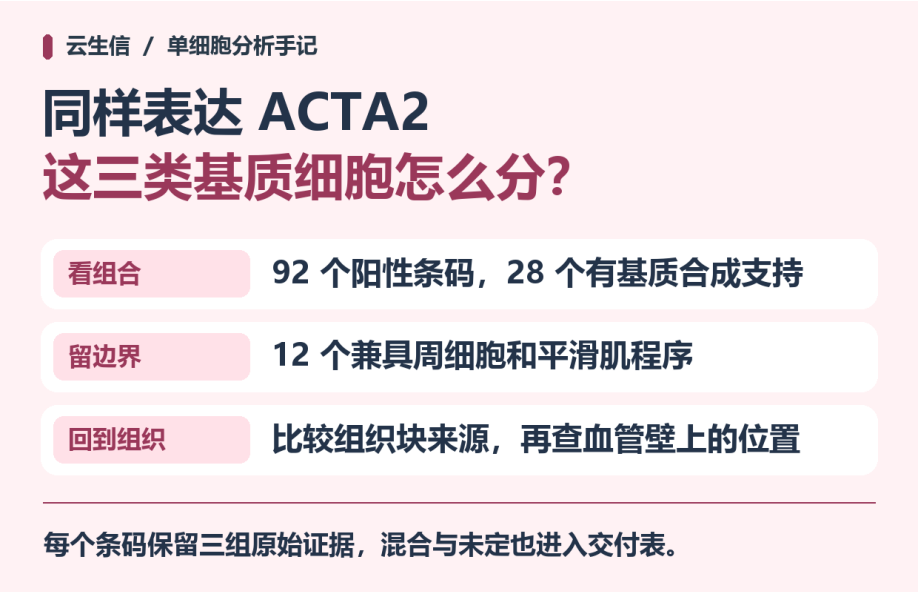
ACTA2 阳性的基质细胞，是肌成纤维细胞、周细胞还是平滑肌细胞?

在四位模拟供者的基质细胞中拆开胶原、周细胞及成熟平滑肌程序，再按取材位置和逐基因剔除结果审查命名。



运行教学示例

Python 3.10 或以上。解压后安装 requirements.txt，输入与结果均可离线使用。

```
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

stroma.tsv 108 个模拟基质细胞的供者、组织块、库深度及十个原始基因计数。

panels.json 胶原与基质、周细胞、平滑肌三套互不重叠的面板，可替换。

核对输出，再换自己的数据

mural_barcodes.tsv、donor_patterns.tsv、piece_patterns.tsv 每条码证据、每位供者计数、组织块交叉表。

leave_one_marker_out.tsv、pattern_means.tsv、stromal_panel.png 逐个移除标记的敏感性，逐表型平均表达与对应热图。

用示例验算

1 108 个条码中 92 个检出 ACTA2，四位供者各有 23 个阳性。

2 阳性中 28 个为基质合成伴收缩、24 个偏周细胞、20 个偏平滑肌、12 个双程序、8 个未定。

3 移去 RGS5 改变 8 个阳性条码的组合，移去 PDGFRB 在这份模拟中改变 0 个。

换用真实数据

保留原始稀疏计数、可信基质大类、供者和真实组织块，先核对组织内各面板的覆盖，再复查交叠和未定条码的库深度与空间位置。

组织块来自哪里只能提供粗尺度的信息。细胞与血管的实际关系、分泌胶原的功能和细胞的谱系来源需要其他实验。

方法资料

Travaglini 等的人肺细胞与解剖定位图谱

跨器官周细胞标记研究