同一批患者治疗前后各取一次样，差异表达怎么用上配对关系?

下载八位供者 CD14 单核细胞的真实计数，从 5,697 个条码加出 16 个样本，用 edgeR 的患者配对设计与逐人前后连线交叉验证。



运行教学示例

Python 3.10 或以上，先安装 requirements.txt。完整模型重新拟合另外需要 R、Matrix、edgeR、statmod；本包附真实拟合结果。

```
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.mtx.gz、genes.txt、cells.tsv 5,697 个单核细胞的未变换计数，含逐条码供者、条件和全库 UMI。

fit_edger.R、example/fit/ 完整配对与去配对模型代码、3,709 个通过过滤基因的实测拟合表、设计矩阵和版本。

核对输出，再换自己的数据

focus_samples.tsv、donor_changes.tsv 三个位点的样本原始加和、有效文库校正 CPM，以及逐供者配对差。

model_comparison.tsv、paired_genes.png 两种模型效应和校正后 P 值，八对样本在三个基因上的逐人折线。

用示例验算

1 矩阵有 15,706 行，5,697 个条码汇成 8 位供者的 16 列。

2 ISG15 与 IFIT1 的刺激侧 CPM 在 8/8 对中上升，RPLP0 在 8/8 对中下降。

3 配对模型 ISG15 的 log2FC 约为 7.61，IFIT1 约为 7.96。

换用真实数据

用真实供者标识、治疗时间和目标细胞类型生成样本列；每人的两侧都有可用细胞，再确定设计、对比方向和独立供者数。

离体受控刺激展示配对分析方法。它与临床治疗随访的混杂因素和外推对象不同；模型给出的是相对表达变化。

方法资料

Kang 等的供者拆分与干扰素实验

muscat 多样本差异状态分析

edgeR 的建模说明