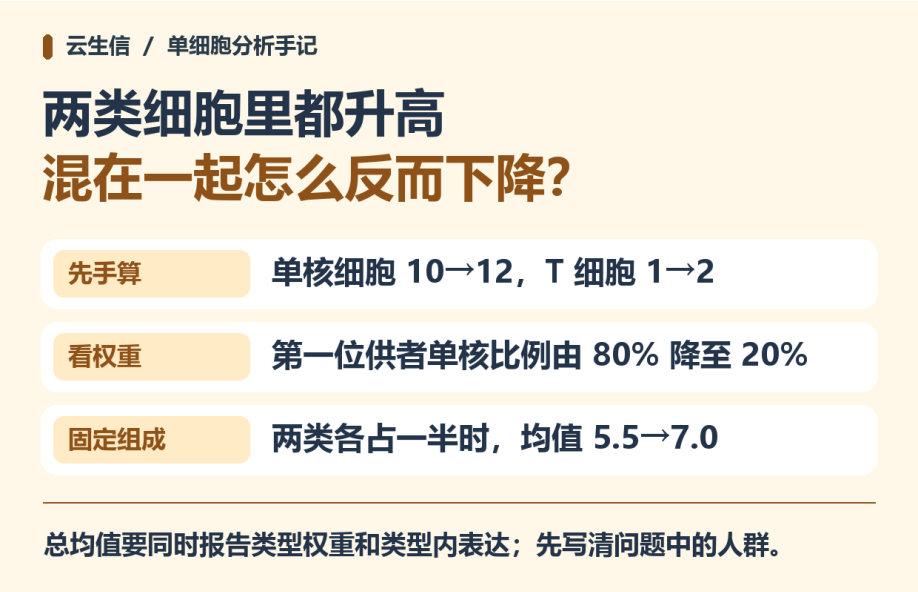
把不同细胞类型混在一起做差异，为什么结果和分开做方向相反?

用四位配对供者、八百个教学条码，手算细胞组成如何翻转总体方向，再固定类型权重，把组成变化和类型内变化逐人拆开。



运行教学示例

Python 3.10 或以上，先安装 requirements.txt。输入和两次随访都是教学模拟。

```
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 800 个条码，每行有供者、时间、单核或 T 类型、文库深度与 LST1 原始计数。

settings.json 目标基因、比较顺序、类型列表和固定组成时的参考权重。

核对输出，再换自己的数据

within_types.tsv、pooled_standardized.tsv 每位供者各类型的数量、比例和均值，实际总体与固定组成后的均值。

contributions.tsv、mixture_comparison.png 组成与类型内贡献的逐人精确分解，以及两种问题的配对图。

用示例验算

1 第一位供者总体均值从 8.2 降至 4.0，而分层后两类各升 2 和 1。

2 第一位供者组成贡献 −5.7，类型内贡献 +1.5，总变化 −4.2。

3 四位供者的实际总体变化均为负，按相同的 50:50 组成标准化后均升 1.5。

换用真实数据

在同一供者内汇总类型计数和一致尺度上的平均表达；固定一个预先定义的参考类型构成，用原始和标准化结果回答两个不同问题。

表达均值是每颗捕获细胞等权的描述。不能直接解释为组织每毫克总 RNA、细胞绝对数或因果作用，缺失类型的均值也不能填零。

方法资料

多供者单细胞参考与组织组成的 MuSiC 原始研究

muscat 多样本类型内比较