癌组织里 T 细胞“变多了”，分母用所有细胞还是所有免疫细胞?

用四位患者配对的教学条码，从同一份 T 细胞计数算出三种比例，核对一个看似冲突的结果，并给未定细胞设置可复查的范围。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt。四位患者的样本和数值均为教学模拟。

```
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

tissue_cells.tsv 逐条码所属患者、癌旁或癌组织、已有谱系标签和质控标志。

lineages.json 哪些谱系归入免疫、目标 T 群、已知非免疫类别和未定标签。

核对输出，再换自己的数据

sample_counts_fractions.tsv 每份样本的原始分子分母、三种比例及未知条码的两个边界情景。

within_patient_change.tsv、paired_denominators.png 同人肿瘤减癌旁的百分点变化和三幅并排配对图。

用示例验算

1 第一位患者癌旁 24/200=12%，癌组织 36/120=30%。

2 第一位患者 T 占免疫分别为 24/40=60% 和 36/90=40%。

3 四位患者的 T/全部均升高，T/免疫均降低，各样本均通过乘积恒等式验证。

换用真实数据

明确取材和筛选范围，记录免疫大类、未定细胞、总回收数和成对患者，保留原始分子分母再选择符合研究问题的表达方式。

这些指标描述回收到的细胞组成，不能单独估计每平方毫米或每毫克组织的绝对 T 细胞数；癌旁组织也不能自动视作健康组织。

方法资料

人肿瘤解离与回收组成的实验研究

scCODA 关于单细胞组成建模的原始论文