# 治疗组没有一个簇明显变大，怎样发现一小段连续状态在增多？

在十二份样本中固定两个大类的数量，改变其中一段连续状态的分布，用真正的 Milo 建图、按样本计数并检验，再回查六位供者各自贡献了多少细胞。




## 运行教学示例

Python 3.10 或以上加 requirements.txt 即可逐条码复核。重建邻居图和计数模型另需 R、miloR、SingleCellExperiment；附实际拟合文件。

```
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

continuum.tsv、make_example.py 六位供者两条件共 1,680 颗模拟细胞，36 个原始基因计数及用于事后验证的模拟位置。

fit_milo.R、example/fit/ 真正的 miloR 邻域、逐样本计数、模型结果、绘图坐标及软件版本。

## 核对输出，再换自己的数据

neighbourhood_audit.tsv、donor_counts.tsv 逐邻域核对成员，逐供者拆开原始计数，标注 SpatialFDR 和中心。

broad_counts.tsv、calls.tsv、milo_map_donors.png 粗群数量、局部结果摘要、二维中心图和代表性邻域的配对贡献。

## 用示例验算

1 每份样本 A 与 B 都各有 70 个，粗群比例均为一半。

2 218 个邻域中 47 个增加、59 个减少、112 个未过本例 5% SpatialFDR。

3 118 号六名供者均上升；16 号对照合计 57、处理合计 6，六人均下降。

## 换用真实数据

先建可靠的高维表达邻居图，再按原始样本计邻域细胞，用供者配对设计检验，区分局部组成变化、绝对数量和转化方向。

本例模拟的潜在位置只用于结果核对。邻域相互重叠，丰度相对采样总体；横断面无法由此证明细胞迁移或谱系转化。

## 方法资料

Dann 等的 Milo 原始论文

miloR 邻域差异丰度官方示例