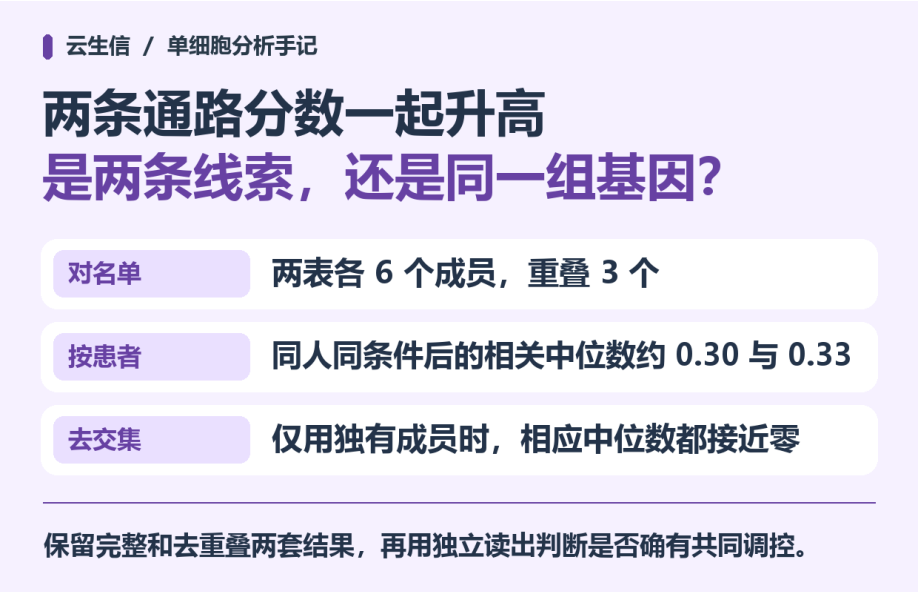
两个通路分数总是一起升高，真有两条独立的生物学线索吗?

在八位供者的真实单核细胞里拆开两套有共同成员的教学签名，比较合并、同人同条件，以及去除交集后的相关性。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt，默认离线复算；若要重建来源小表，可另下载原 H5AD。

```
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

program_genes.tsv 真实条码、供者、条件、全库深度及并集九个基因的原始 UMI。

sets.json、extract_public.py 两份六基因的教学名单和从原始计数对象提取逐条码小表的脚本。

核对输出，再换自己的数据

set_membership.tsv、barcode_scores.tsv 基因交集与独有成员，每个条码的原始与去交集分数。

within_donor_rho.tsv、summary.tsv、pooled.tsv、overlap_donor_pairs.png 逐供者逐条件 Spearman 相关、供者中位数和全体合并结果。

用示例验算

1 两套各六项，交集 ISG15、IFIT1、MX1，并集九项。

2 全体 5,697 颗合并，完整相关约 0.822，去交集后约 −0.057。

3 先在同一供者与条件内计算，再取中位数，完整约 0.296/0.330，去交集约 0.003/−0.027。

换用真实数据

先统一物种和基因标识，按预设评分规则计算完整及独有部分，在同一细胞类型内按供者和处理分层，记录无法估计的相关。

去交集可能同时移去真实共同生物学。相关变化不能单独证明两条实际通路存在、彼此独立或有因果调控。

方法资料

基因集交叠与解释的 Enrichment Map 原始工作

Kang 等原始干扰素实验