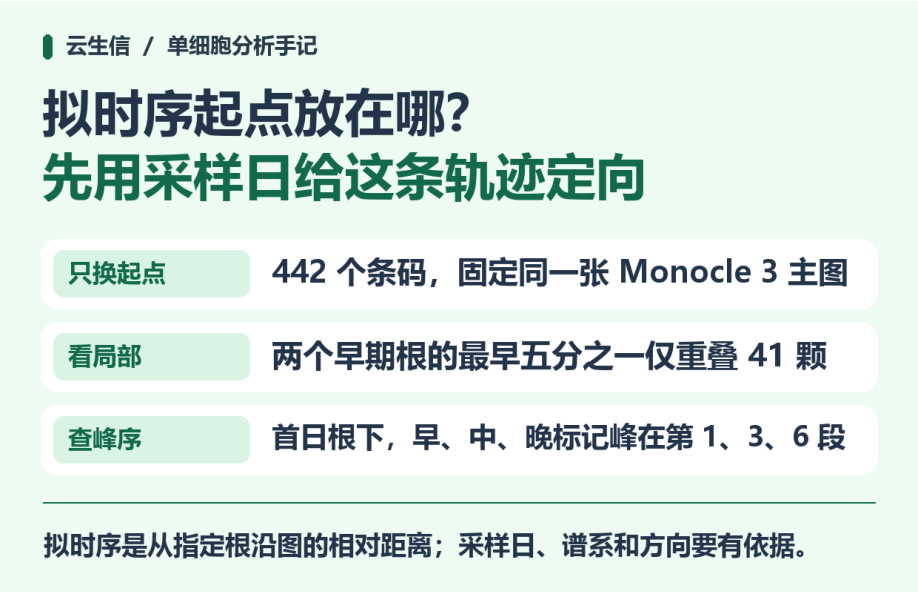
细胞状态在 UMAP 上连成一片，Monocle 3 的拟时序起点放在哪里?

固定同一张 Monocle 3 主图，按首日采样和早期激活标记选两个有依据的根，再用末端作反向对照，逐条码检查排序、早期集合与基因峰值。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt 即可复核。重建主图需 R、monocle3、Matrix 和 SingleCellExperiment，模型已运行。

```
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

trajectory.tsv 四位模拟供者、四个采样日、442 颗细胞、56 个原始基因计数及仅供验证的生成信息。

fit_monocle.R、example/fit/ Monocle 3 的预处理、UMAP、主图、选根与三套逐条码拟时序。

核对输出，再换自己的数据

root_agreement.tsv、day_medians.tsv 早期集合交并、排序相关、可到达条码数与各采样日中位数。

marker_peaks.tsv、segment_reference.tsv、monocle_root_maps.png 同一分支上三种标记的峰序、各段排序核对和三幅起点图。

用示例验算

1 三个拟合均对同一 442 颗返回有限拟时序。

2 两个早期根的秩相关约 0.927，最早 20% 的交集 41、并集 137。

3 首日根的早中晚标记峰在 1、3、6 段；用末端作根后变为 6、4、1。

换用真实数据

提前记录研究对象、首个可信采样时点及早期标记，固定主图，只换有依据的根，按分支回查排序和逐人覆盖。

模拟采样日提供独立于拟合的时间参照。横断面的图距离无法直接换算成天数，也不能证明真实细胞祖先关系。

方法资料

Monocle 3 官方轨迹与选根教程

Monocle 3 作者的软件仓库