Slingshot 把两群细胞连成分支，怎样判断这个分叉值不值得解释?

在同一批 442 个模拟条码和坐标上，用粗、细两套聚类实际运行 Slingshot，核对分叉、曲线成员、末端标记和逐供者覆盖。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt。重新运行两套轨迹要用 R 与 slingshot；包内已附 2.18.0 真实结果。

```
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、make_example.py 四位供者的 Y 形教学状态、粗细标签、两个固定嵌入坐标、56 个计数特征。

fit_slingshot.R、example/fit/ 两种粒度的谱系路径、逐条码两支曲线的拟时序与权重。

核对输出，再换自己的数据

coarse_fine_agreement.tsv、branch_bins.tsv 按共同条码比较支路覆盖和秩相关；每段细胞数、供者及末端标记。

branch_coverage.png 各供者沿两支曲线的分布，空白段和低覆盖末端可直接查回。

用示例验算

1 粗、细拟合均到达甲、乙两个末端；按权重至少 0.5，甲支各 311 颗、乙支各 266 颗。

2 共同条码的支内秩相关均约为 1。

3 甲支最后等宽十分段 25 颗、四位供者；乙支 3 颗、三位供者，各一颗。

换用真实数据

固定细胞、降维和起始谱系，只改变合理的聚类粒度，按终末标记对齐各支，再比较成员、权重、各段供者和标记一致性。

模拟的二维坐标是给定的表达嵌入替代物；标签与轨迹一致不能证明真实谱系。低覆盖段及相近的分叉节点尤其需要独立时间或示踪验证。

方法资料

Slingshot 原始论文

Bioconductor Slingshot 教程