沿着拟时序，哪个基因最先升高？怎样画出两条分支各自的表达曲线？

从模拟分叉的原始计数和谱系权重出发，真正运行 tradeSeq，比较两支曲线的半幅上升位置、峰值以及末端有哪些供者和细胞在支撑。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt 可核查已拟合曲线。重拟合需 R、slingshot、tradeSeq 和 SingleCellExperiment。

```
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 四名供者的 442 个模拟条码、表达计数、嵌入、采样时间及预设候选。

fit_tradeseq.R、example/fit/ Slingshot 支路权重，tradeSeq 五节点负二项平滑、预测网格、关联检验及收敛表。

核对输出，再换自己的数据

rise_and_peak.tsv、fitting_report.tsv 两支各两个基因的半幅位置、幅度、峰值，以及拟合收敛和检验家族。

coverage_by_bin.tsv、curves_with_coverage.png 同一横轴下逐段细胞数、供者、权重与曲线。

用示例验算

1 56 个基因全部收敛，报告 56 项总体沿程关联。

2 甲支两个标记半幅位置约 0.424、0.864，乙支约 0.458、0.831。

3 甲支最后一个十分段有 25 颗、4 位供者；乙支有 3 颗、3 位供者。

换用真实数据

使用原始计数和经过检查的分支，冻结拟时序、权重与上升定义后估计曲线；按分支报告可观测范围、稀疏端点和样本覆盖。

半幅位置是预设的描述量，不是经检验的启动时间差。拟时序没有真实时钟单位；端点在网格最右只代表观察范围内达到最大拟合值。

方法资料

tradeSeq 模型拟合与协变量官方说明

tradeSeq 原始论文