骨髓里一群祖细胞更偏向哪条谱系？怎样读 CellRank 的命运概率？

从同一张有向邻居图出发，用两套终末标记规则真正运行 CellRank，逐个核对祖细胞概率、末端条码以及模型对规则变化的敏感度。



运行教学示例

Python 3.10 及以上，安装 requirements.txt。重拟合另装 requirements-refit.txt，在包内运行 python fit_cellrank.py example example/fit-new。

```
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

marrow.tsv、make_marrow.py 四个模拟供者、480 个细胞、早晚先验、标记计数、邻居几何及模拟标签。

fit_cellrank.py、example/fit/ 两次 CellRank 2.4.0 解、终末条码清单及共用转移矩阵。

核对输出，再换自己的数据

paired_cells.tsv、terminal_audit.tsv 逐条码两种概率及差值，每种终末的条码数和供者数。

progenitor_sensitivity.tsv、entropy_by_stage.tsv、terminal_sensitivity.png 按供者汇总、逐阶段概率熵及两种终末圈定图。

用示例验算

1 窄条件红系 32 颗、髓系 29 颗，较宽条件分别 72 和 57 颗。

2 160 颗祖细胞的严格红系概率中位数约 0.5933，十分位区间约 0.5414 至 0.6626。

3 同一祖细胞两种定义的最大概率差低于 0.0014，本例无条码越过 0.5。

换用真实数据

用同一批条码和同一种方向依据固定转移矩阵。另列独立标记、端点选择依据、每位供者覆盖，再逐个比较终末定义。

模拟数据只包含两条预设终末，图的几何和先验由生成器提供。两种邻近定义一致不能校准真实后代比例或排除遗漏谱系。

方法资料

CellRank 官方命运概率教程

CellRank 2 原始论文