CellChat 图上一根很粗的箭头，回到表达矩阵能查到什么?

跟着一条 CellChat 的 CXCL12–CXCR4 预测，从合并的网络分值回到六个样本，分别手算配体与受体检出，再找出只支持一端的样本。



运行教学示例

基础复核用 Python 3.10 或以上与 requirements.txt。从头建模另用 R、Matrix 与 CellChat 2.2.0.9001，运行 fit_cellchat.R。

```
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

counts.tsv、cells.tsv、make_counts.py 六个模拟样本共 687 个条码的原始计数与三种细胞类型。

fit_cellchat.R、example/fit/ 四个真实人类数据库候选在模拟表达上的 CellChat 拟合及版本。

核对输出，再换自己的数据

donor_axis_evidence.tsv、pooled_edge.tsv 各供者发送与接收细胞数、原始计数、检出比例及合并预测。

support_totals.tsv、donor_support.png 各证据组合的供者数、双端检出对照图。

用示例验算

1 主轴合并网络得分约 0.473715。

2 238 个成纤维细胞中 204 个读到 CXCL12，257 个 T 细胞中 186 个读到 CXCR4。

3 每端至少 10 个细胞、至少 25% 检出时，六位中双端达标三位，单端两位，均未达标一位。

换用真实数据

按样本对齐发送群和接收群，列出双端分子数与群体分母；用组织定位、受体蛋白和受阻断影响的下游响应设计验证。

合并得分为表达模型的量，不是接触概率。样本内检出阈值仅为教学约定；模拟图未测分泌、定位或功能。

方法资料

Jin 等 CellChat 原始论文

CellChat 作者分析示例