治疗后少了一类细胞，两组 CellChat 网络怎样才能公平比较?

对同一批模拟样本分别运行两组 CellChat，按发送群、接收群和分子对对齐结果，区分可比的变化、整群缺失以及单名供者覆盖不足。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt 可核对全部输出。重拟合另需 R、CellChat 2.2.0.9001、Matrix。

```
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

cells.tsv、counts.tsv、make_counts.py 四位模拟供者的两次取材，642 颗细胞、43 个基因，治疗后缺髓系群。

fit_cellchat.R、example/fit/ 两组独立运行的 CellChat 网络和相同的人类数据库候选。

核对输出，再换自己的数据

aligned_edges.tsv、group_coverage.tsv 36 种组合中的可比值、不可估计缺失和各组细胞分母。

axis_eligibility.tsv、axis_by_sample.tsv、comparison_coverage.png 逐供者成对覆盖资格，配体受体表达与成对读图。

用示例验算

1 治疗前有成纤维 160、T 细胞 160、髓系 120，治疗后分别 96、106、0。

2 共同可比组合 16 个，20 个涉及条件中缺失的髓系群而留下 NA。

3 纤维细胞到 T 细胞的 CXCL12 与 CXCR4 模型得分约 0.561 和 0.540；每端至少十颗时四位中三位可配对。

换用真实数据

先冻结相同数据库、群体命名、候选和拟合参数，再按群的交集比较；缺失、未检出、估计接近零和低覆盖分别保存。

示例仅为模拟，合并模型分值之差不是患者层显著性；没有捕获髓系细胞不能证明人体内髓系消失。

方法资料

CellChat 作者多数据集比较

CellChat 原始论文