受体需要两个亚基，只看到其中一个时，这条通讯该怎么读?

从 CellPhoneDB 固定版本的真实数据库条目找到 IL6R 和 IL6ST，在八位供者的公开单细胞原始计数中分别统计各亚基、同一条码双阳性及供者覆盖。



运行教学示例

Python 3.10 或以上与 requirements.txt。小表分析可以离线运行，从数据库重新提取时才需要联网。

```
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

complex_row.tsv、subunits.tsv、interaction.tsv 固定版本的真实复合物字段、UniProt 映射、配体受体方向。

cells.tsv、extract_complex.py 八位供者的原始三基因计数、细胞类型、全库分子数与提取脚本。

核对输出，再换自己的数据

donor_subunits.tsv、donor_coverage.tsv 各亚基边际检出、同细胞检出和跨供者覆盖。

same_barcode.tsv、marginal_and_same_cell.png 同时检出两种亚基的真实条码与对照图。

用示例验算

1 CD4 T 有 5,560 个条码，IL6R 和 IL6ST 分别检出 62 和 163 个，双阳性 1 个。

2 经典单核有 2,932 个条码，两个亚基分别检出 188 和 69 个，双阳性也仅 1 个。

3 每类的两种亚基各自在八位供者中均有检出，但每类只有一位供者出现双阳性条码。

换用真实数据

先查复合物版本与亚基构成，再按患者和条码计算两个分母；若研究功能，补充双蛋白测量、配体添加和受体或通路阻断。

分子计数为零不等于没有受体蛋白。这里审计数据库所列的一种经典复合物，没有直接测分泌、组装、跨信号或下游反应。

方法资料

CellPhoneDB v5 数据表

CellPhoneDB 复合物及检验说明