给成纤维细胞列出了十几个候选配体，哪些值得优先验证？

用头颈癌真实公开表达、已发表的部分上皮间质转化基因表和 NicheNet 人类先验，对预设配体排序，把靠前候选逐一接回同一肿瘤的发送端、受体与下游读出。



运行教学示例

离线阅读与复算用 Python 3.10 或以上及 requirements.txt。使用 nichenetr 重新拟合的 R 命令及原始来源见数据来源。

```
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

ligand_target.tsv.gz、panel.tsv、supported_lr.tsv 5,891 个背景基因、真实先验权重、响应标识、完整候选筛选记录。

cell_evidence.tsv.gz、fit_nichenet.R、prepare_hnscc.R 1,792 颗细胞的证据子表，按原公开文件重提与按作者方法评分。

核对输出，再换自己的数据

audited_candidates.tsv、top_response_targets.tsv 两种指标排序、独立重算的校正精确率召回面积与候选靶基因。

same_tumor_evidence.tsv、ligands_and_same_tumor.png 每个肿瘤的配体、受体和靶基因覆盖，以及排名对照图。

用示例验算

1 四百零四颗 CAF、一千三百八十八颗恶性细胞，覆盖十个肿瘤。

2 固定的十二个候选中，TGFB2 的校正 AUPR 约 0.1072，CXCL12 约 0.0721，INHBA 约 0.0703。

3 TGFB2 对应响应集内先验权重最高的三项为 SERPINE1、COL1A1、IGFBP3。

换用真实数据

按表达设计选择接收细胞、响应集合和可检验背景，冻结候选后评分，再按肿瘤核对发送比例、受体覆盖和现实可测的扰动读出。

排名限于预设面板，未证明配体具有因果作用；仅检出一个受体表条目也不能保证完整受体复合物已组装。

方法资料

NicheNet 作者的配体活性实例

Puram 等头颈癌原始研究