同一个 B 细胞克隆里同时出现 IgM 和 IgG，怎样查证这个结果?

用五千个公开 BCR 条码在供者内寻找 IgM 与 IgG 同克隆的候选，再按 V/J、双链氨基酸及核苷酸逐步加严，核实两条可直接查回的真实记录。



运行教学示例

Python 3.10 或以上及 requirements.txt 可完全复核。重提公开 H5MU 时另安装 awkward、h5py 和 numpy。

```
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、chains.tsv.gz、extract_bcr.py 5,000 个真实条码、25 位供者、12,150 行链记录和原始 RNA 标签。

核对输出，再换自己的数据

definitions.tsv、quality_counts.tsv、per_cell_chain_evidence.tsv 三种克隆键的入组数、缺链与歧义原因、每个条码的重链和轻链。

paired_nt_mixed_cells.tsv、chain_coverage.png 可核查的两个真实条码及其重链恒定区、连接区核苷酸和原注释。

用示例验算

1 重链可判定 4,733 颗，双链可用于最后严格比较 4,236 颗。

2 患者内有一个 IgM/IgG 混合候选在三种规则下都保留，均含两颗细胞。

3 重链 V/J 是 IGHV3-11/IGHJ4，轻链是 IGLV3-25/IGLJ3；两颗的原恒定区分别 IGHM 与 IGHG1。

换用真实数据

在每名供者内冻结克隆键，再用恒定区作表型，审查双重重链、异常恒定区注释、轻链和采样时间。

精确连接区键是保守筛选，可能拆开存在体细胞高频突变的亲缘成员；横断面结果不能给出谱系或转换先后。

方法资料

Stephenson 等多组学原研究

Scirpy BCR 分析