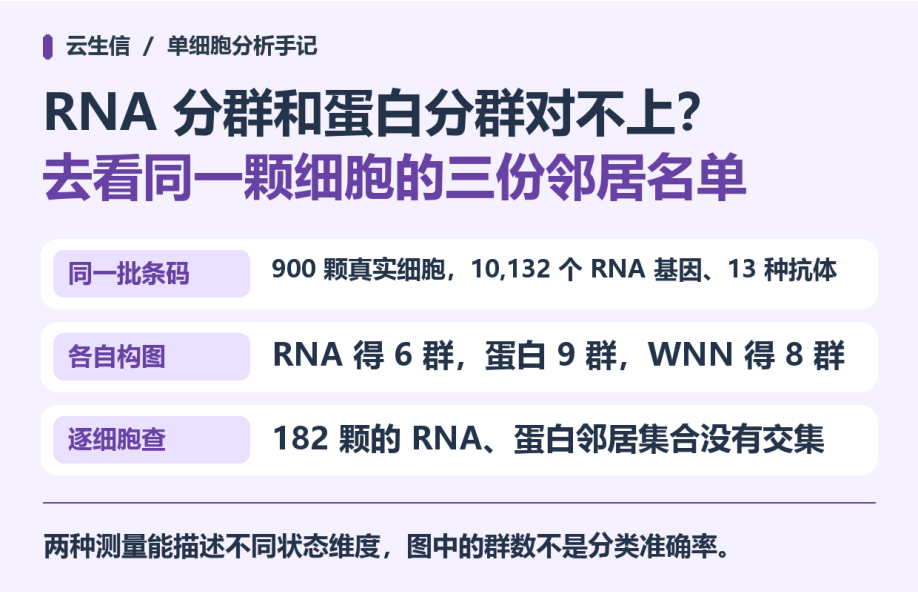
同一批细胞，用 RNA 分群和用表面蛋白分群为什么不一样?

从同一批 900 个真实脐血细胞、13 种抗体和原 RNA 计数出发，实际构建三张 Seurat 邻居图，输出每颗细胞的模态权重、真实邻居、聚类和可查的标记计数。



运行教学示例

Python 3.10 或以上与 requirements.txt 用于核验，重新构建三张图另用 R、Seurat、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

rna.tsv.gz、adt.tsv、cells.tsv 同一批 900 条码的原始双模态计数和完整 RNA 深度。

fit_wnn.R、example/fit/ 真实 Seurat RNA/ADT/WNN 三张图的条码邻居、聚类和模态权重。

核对输出，再换自己的数据

barcode_neighbors.tsv、graph_summary.tsv、rna_vs_adt_clusters.tsv 逐细胞邻居重合、权重、簇交叉表和汇总。

focus_marker_evidence.tsv、weights_and_neighbors.png 焦点条码的三组真实邻居及各自 RNA 和蛋白计数。

用示例验算

1 900 个条码构建的 RNA、ADT 和 WNN 图分别得到 6、9、8 个簇。

2 RNA 与 ADT 邻居 Jaccard 中位数约 0.0556，182 颗交集为零。

3 RNA 权重中位数约 0.4042，RNA/WNN 与 ADT/WNN 的邻居 Jaccard 中位数约 0.182 和 0.56。

换用真实数据

先固定条码、模态层和近邻参数，再比较邻居成员与标记。不要将不同模态同号的簇直接匹配，或把 WNN 权重解释成测序比例。

这是来自一个实验的有限抗体面板，群数、权重与重合率依赖处理、邻居数量和分辨率。

方法资料

Seurat WNN 实际流程

Hao 等 WNN 原始论文