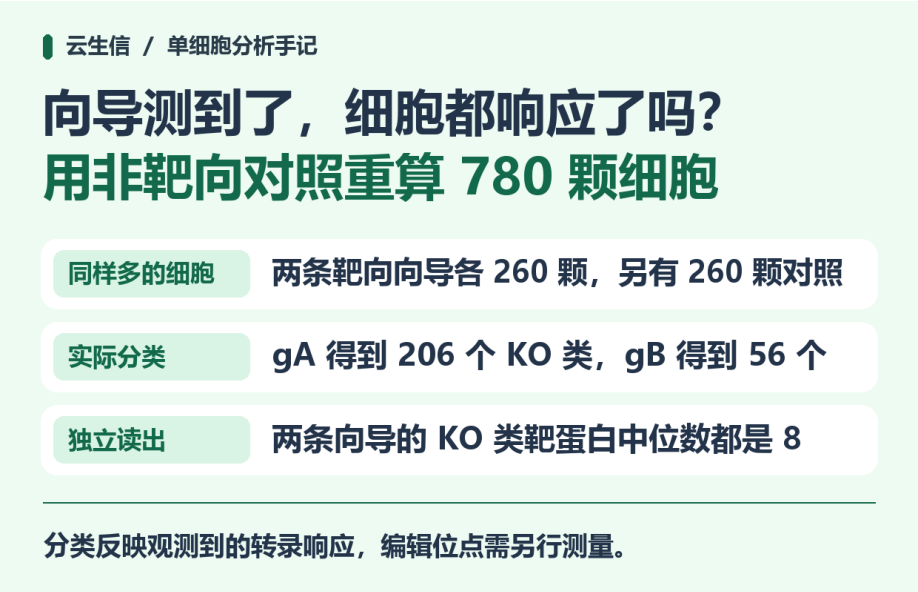
Perturb-seq 里检到了向导 RNA，怎么判断这个细胞是否出现了预期响应?

用 Seurat 的 Mixscape 真实拟合四个模拟生物学重复，在同一向导内比较响应与未呈现预期响应的条码，再核查未参与拟合的蛋白读出。



运行教学示例

Python 3.10 或以上和 requirements.txt。重新拟合另需 R、Seurat、Matrix、mixtools，版本见 example/fit/versions.txt。

```
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

counts.tsv.gz、cells.tsv 207 个基因、780 个条码的原始 RNA、向导与留出蛋白。

fit_mixscape.R、fit/classification.tsv 完整 R 拟合与每颗细胞的 Mixscape 分类。

核对输出，再换自己的数据

guide_response.tsv、guide_donor.tsv 按向导、重复、分类核验条码数与独立蛋白中位数。

cell_response.tsv、response_and_protein.png 逐条码原分子数、分类、蛋白和分组图。

用示例验算

1 两条向导各 260 颗，实际拟合的 KO 类分别 206 与 56。

2 非靶向 260 颗，靶蛋白中位数 33；gA 未响应类也是 33。

3 同一向导内，KO 类和 NP 类的靶蛋白可以逐条码回查。

换用真实数据

替换原始计数、向导与非靶向标记，先在每个独立批次确认可用的对照数，再构建扰动签名。

模拟蛋白用于演练独立读出；转录分类不提供基因组层面的编辑真值。

方法资料

Seurat Mixscape 教程

Papalexi 等原始研究