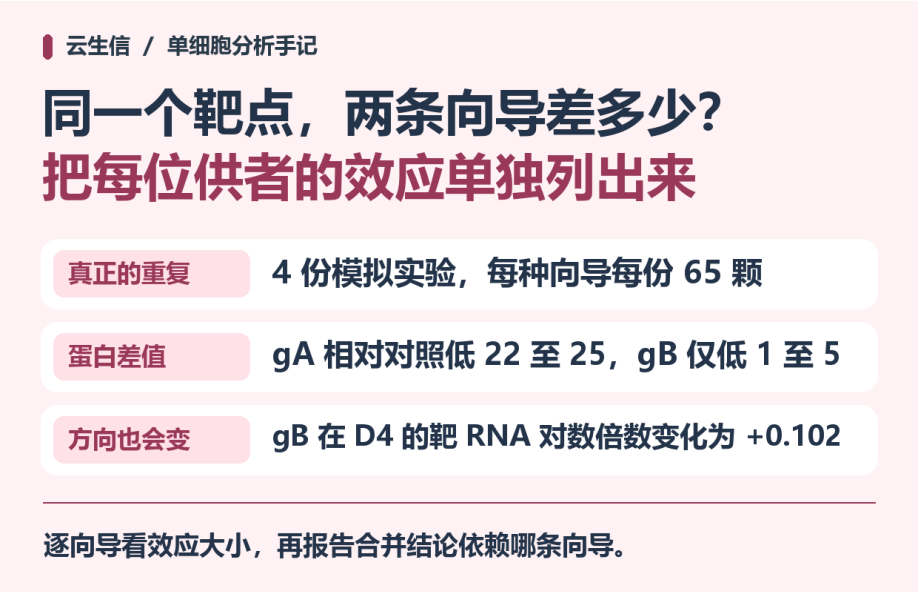
两条向导都靶向同一个基因，为什么一条有明显表型、另一条没有?

把两条向导分别与同一供者的非靶向细胞比较，检查目标 RNA、靶蛋白和预定义响应基因，再逐条移除向导。



运行教学示例

Python 3.10 或以上，先安装 requirements.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

cells.tsv、counts.tsv.gz 向导、重复、留出蛋白和 207 基因的模拟原始 RNA。

make_example.py 可调控每种向导响应概率的生成代码。

核对输出，再换自己的数据

replicate_effects.tsv、gene_effects.tsv 每个重复的向导计数、靶 RNA、蛋白和响应程序。

leave_one_out.tsv、guide_effects.png 移除向导后，各基因的重复间方向与效应。

用示例验算

1 gA 在四个重复的靶 RNA 对数倍数均为负，gB 在一个重复为正。

2 gA 靶蛋白中位数差分别为 −24、−22、−22、−25。

3 移除 gA 的表与单独 gB 的结果逐项相同。

换用真实数据

每个重复需要同期非靶向对照；预定义响应基因，并以供者而非细胞计独立重复。

本例描述效应与留一敏感性，无法单凭转录和蛋白分清导向效率、活性或脱靶机制。

方法资料

Mixscape 扰动原始研究

Seurat 扰动示例