同一张 DotPlot，点很小、颜色却很深，该怎么读?

用 Kang 公开 PBMC 原始计数，手算点大小、全群均值和基因内缩放色，再画八位供者的分面图。



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

counts.tsv.gz、extract.py 九个标记的实际原始计数、完整深度、供者与细胞类型标签。

核对输出，再换自己的数据

dot_values.tsv、donor_dot_values.tsv 每个群的分母、阳性数、两种均值和最终颜色。

all_cells_dot.png、donor_facets.png 全体和同一色标的八供者小图。

用示例验算

1 CD4 T 组 GP9 共有 33/5,560 阳性，约 0.594%。

2 阳性均值约 14.48，全群均值约 0.086，基因内颜色约 2.092。

3 树突细胞中 FCER1A 有 58/258 阳性，颜色约 2.475。

换用真实数据

先确定使用 RNA 的哪一层，保留全库深度，在全组和各供者分别计算检出比例与全群均值。

RNA 标签沿用作者标注；少数细胞出现血小板相关分子不能单靠此图解释原因。本图按点面积映射比例。

方法资料

Seurat DotPlot 官方定义与参数

Kang 等公开多供者研究