



# はじめてでもできるシングルセルRNA-Seqデータ解析

フィルジェン株式会社 バイオインフォマティクス部(biosupport@filgen.jp)

## Bioturing社が販売する製品



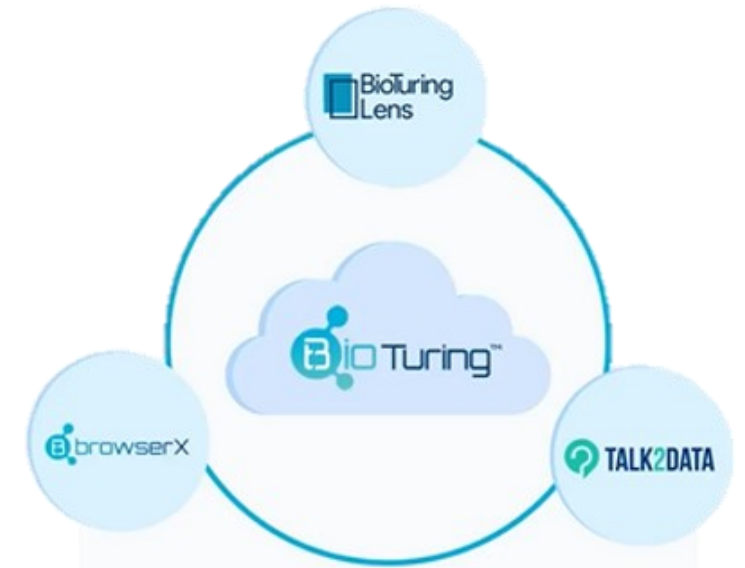
- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析



- プライベートデータの空間オミックス解析



- シングルセル研究のパブリックデータの閲覧と再解析



1 データをインポート

2 フィルタリング、  
正規化などの前処理

3 t-SNEおよびUMAP視覚化

4 バッチエフェクトの補正

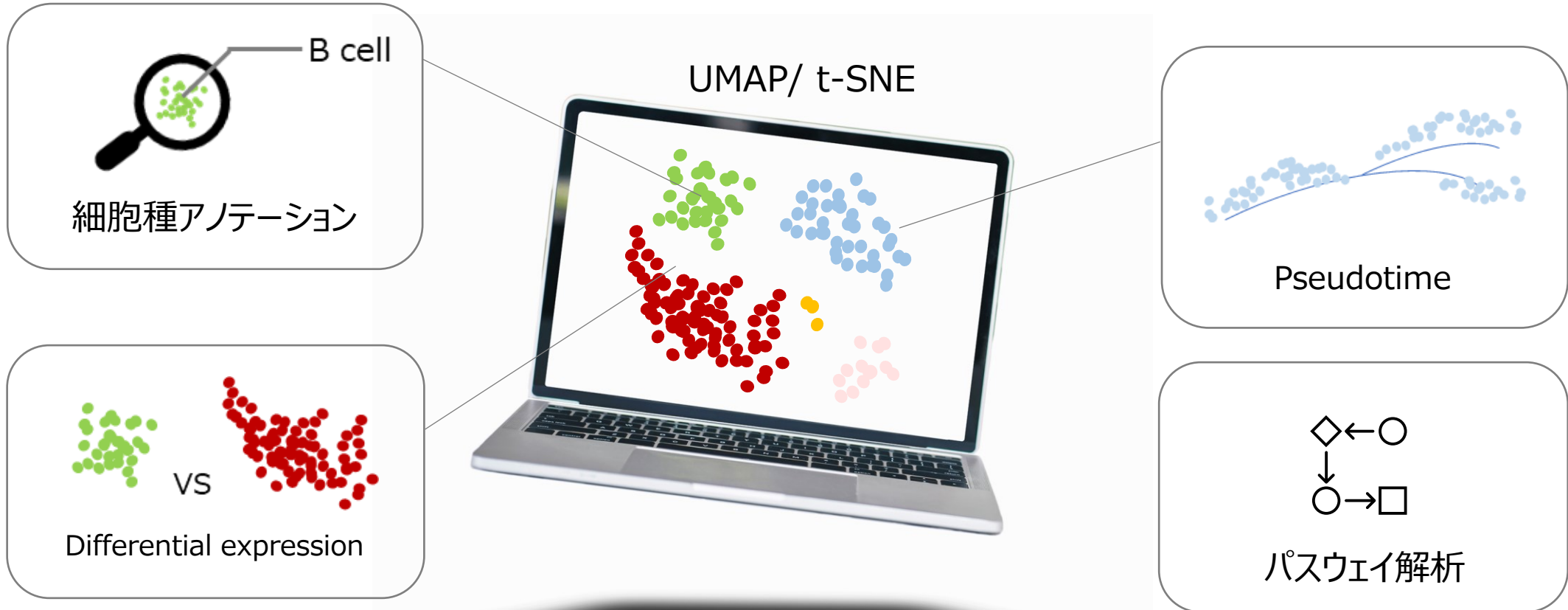
5 クラスタリング

6 細胞種のアノテーション  
下流分析



これらの解析フローをオープンソースツールで行うと・・・

- コマンドライン操作が必要  
OSに制限があったり使いこなすまで時間がかかる・・・
- 複数の解析ツールを使用するため煩雑  
この解析フロー以外にも下流分析の行うたびに別ツールを使用が必要・・・

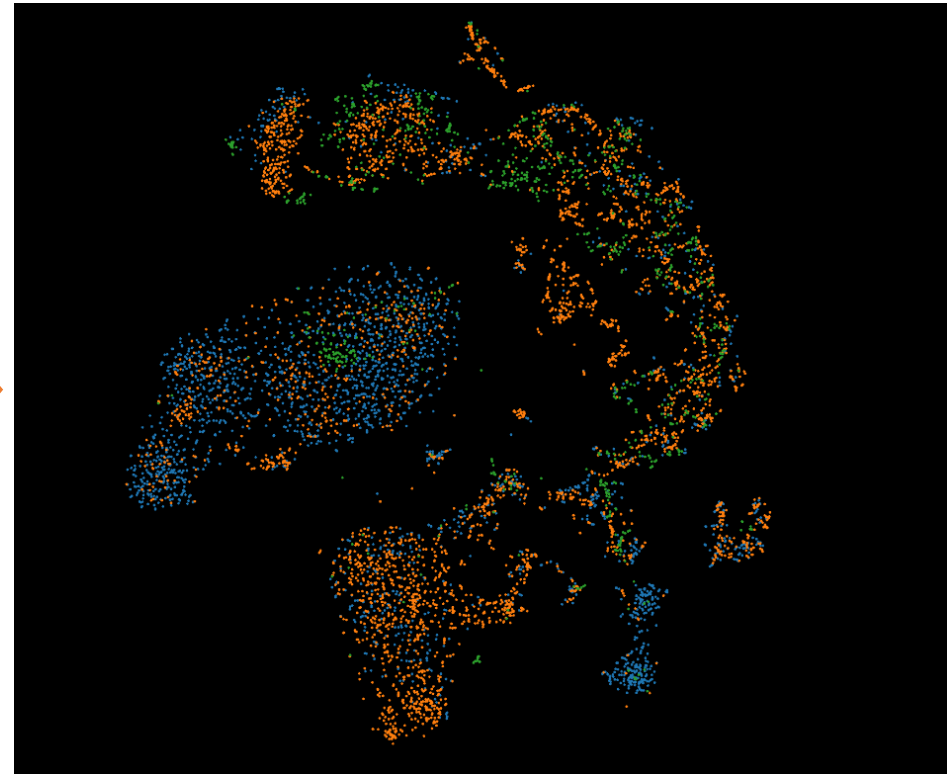
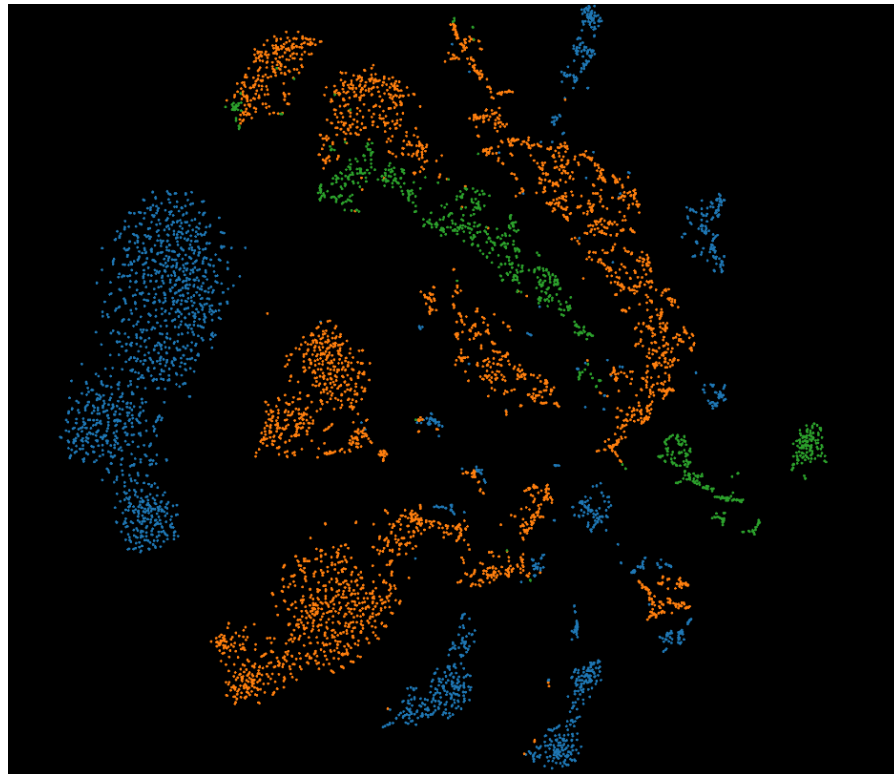


- 解析がパイプライン化  
データのインポートから下流分析まで

デフォルトではバッチエフェクトの補正が行われていないため、複数サンプルをインポートした場合はこの解析を行うとで、技術的なバラツキを補正できます。

 Embeddings

ボタンをクリックします。次に、[Create new]よりメタデータを選択して補正を適応します。



# 自動でセルタイプを予測する

LABELS	NO. OF CELLS
Unassigned	7,122
B cell	595
capillary endothelial cell	1
endothelial cell	1,209
fibroblast	169
macrophage	1,222
neutrophil	2,914
type II pneumocyte	138



Cell Type Prediction

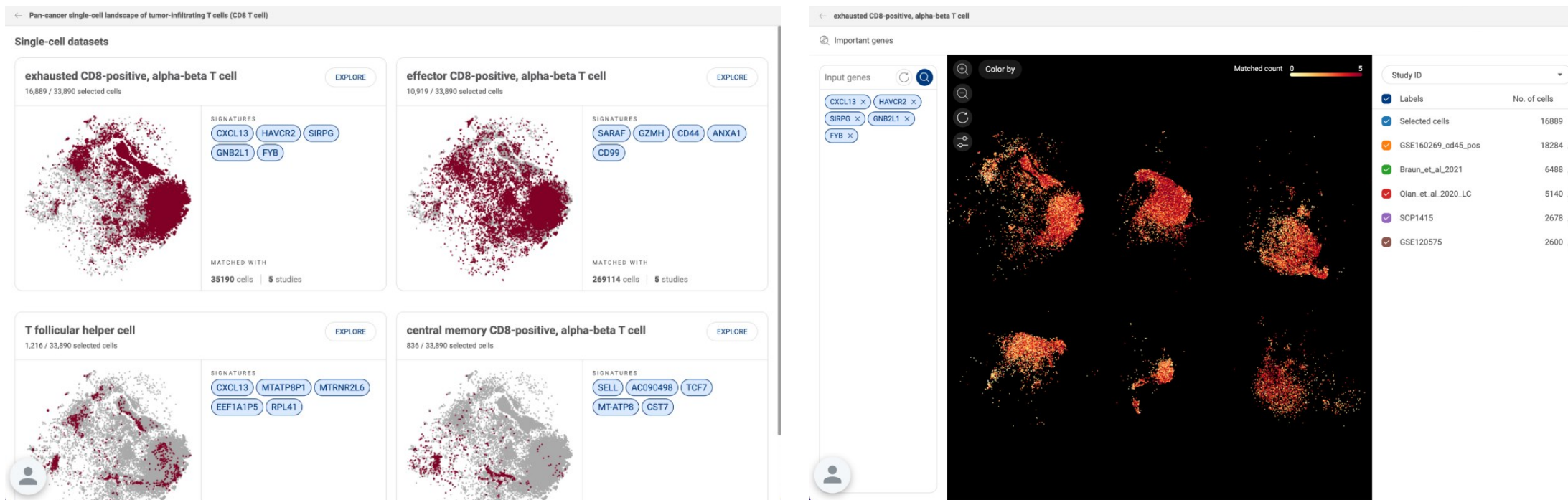
ボタンをクリックします。次に、予測モデルの 1 つを選択します。


Major cell types:  
セルタイプのもっと一般的なラベル。

Cell subtypes:  
セルタイプタイプのもっと詳細なラベル。

この操作だけでデータ内のセルタイプを予測しアノテーションを付与できます。

# データベースと類似した細胞集団を引き出す



目的の細胞集団を選択した状態で  **Cells search** ボタンをクリックします。  
数百万の細胞のデータベース全体を参照して、選択した集団と類似した特性または生物学的シグネチャーを共有する細胞集団を引き出すことができます。



# 選択したクラスターに特異的な遺伝子を見つける



目的の細胞集団を選択し、サイドバーの「Marker genes」ボタンをクリックします。

The screenshot displays the Filgen software interface for analyzing single-cell data. The main window is titled "Chronic Antibody-Mediated Rejection After Renal..." and features several panels:

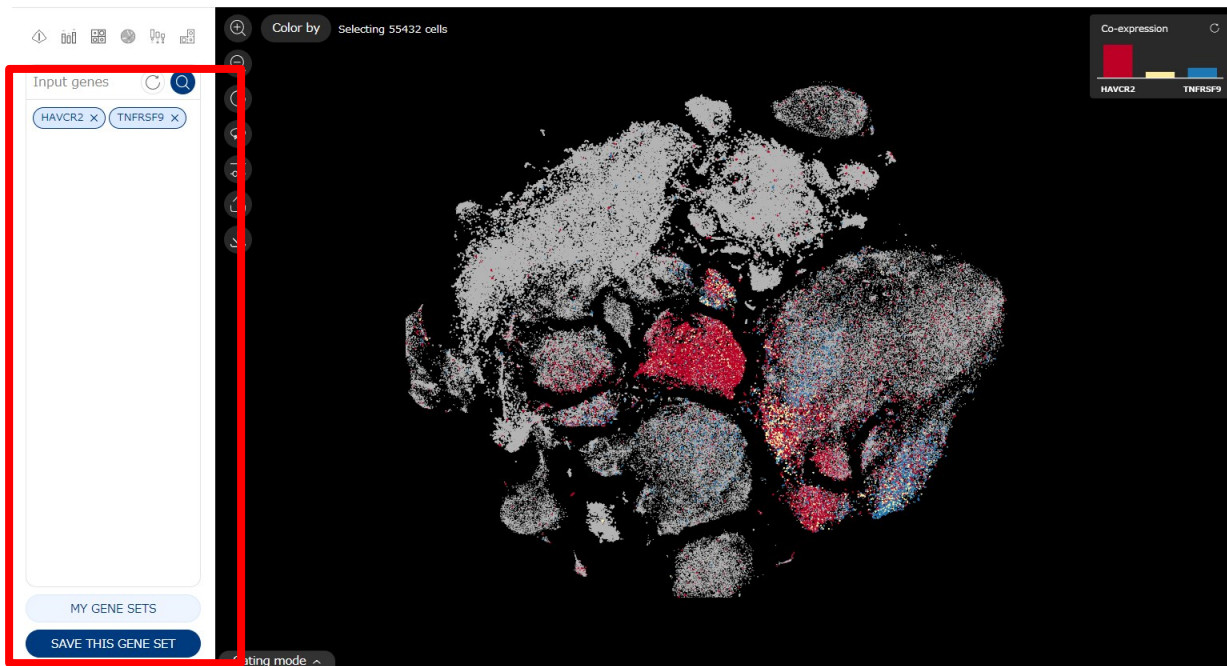
- Gene panel table:** A table showing the top marker genes for a selected cluster. The table has columns for "EXPRESS" (genes) and "F1 SCORE".
- Scatter plot:** A t-SNE plot showing cell clusters. A specific cluster is highlighted in red. The plot is color-coded by "Unit" and "Log normalized" expression levels, with a scale from 0.4771 to 6.9218.
- Metadata panel:** A panel showing the selected panel (IGSF6, LBH, SMCHD1) and the Louvain clustering resolution.
- Decision tree:** A decision tree diagram showing the relationship between genes (IGSF6, LBH, SMCHD1) and the selected group. The tree is labeled "Decision tree" and "Absolute".

EXPRESS	F1 SCORE
IGSF6 LBH SMCHD1	0.9628
LBH S100A9 SMCHD1	0.9616
LBH SMCHD1 VNN2	0.9616
CMTM2 LBH SMCHD1	0.9609
CXCR1 LBH SMCHD1	0.9602
IGSF6 LBH NAMPT	0.9598
CXCR1 LBH NAMPT	0.9596
GCA LBH NAMPT	0.9595
CXCR1 LBH VNN2	0.9591
LBH NAMPT VNN2	0.9590
BASP1 LBH SMCHD1	0.9589
LBH NAMPT S100A9	0.9587
LBH LST1 NAMPT	0.9586
CXCR1 LBH	0.9584



## Gene query

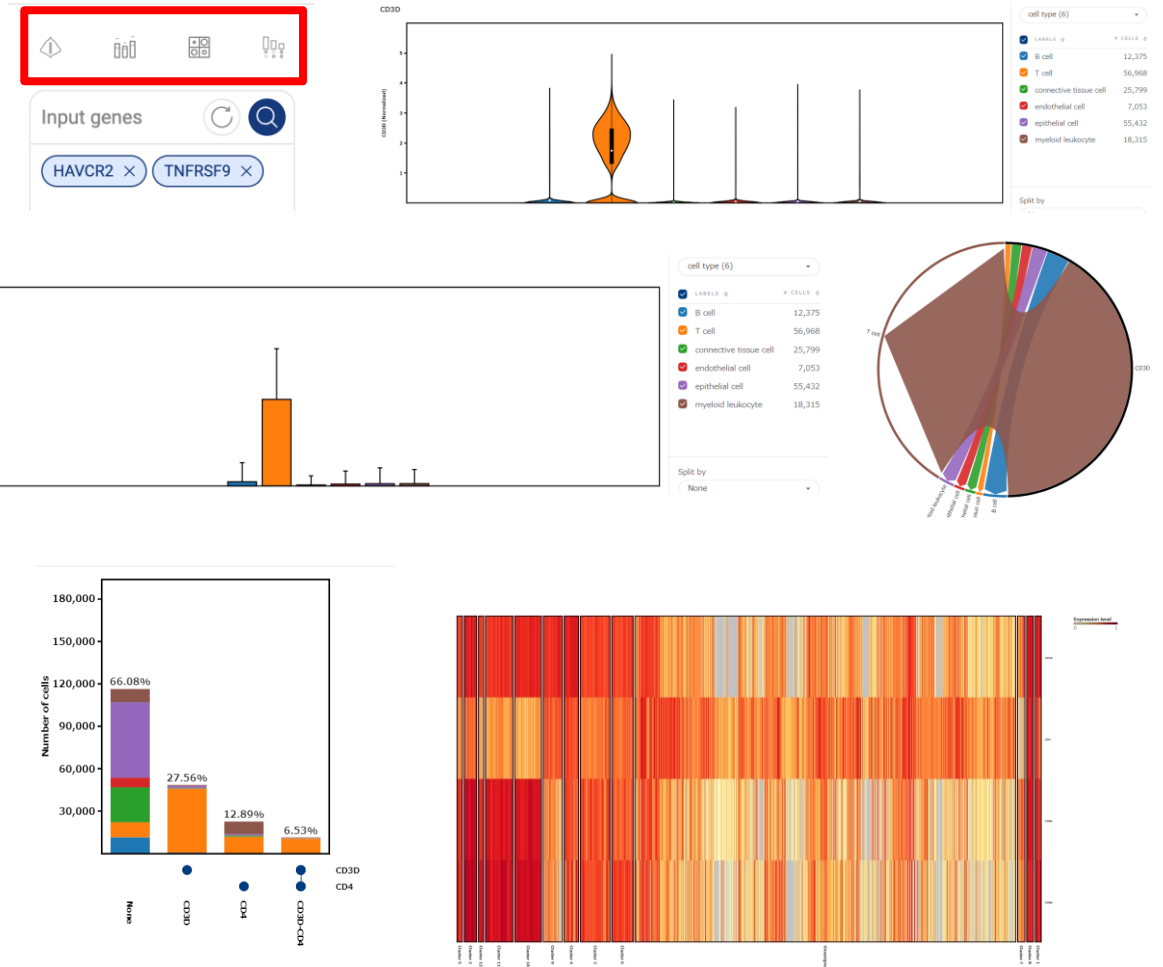
遺伝子がどのように発現しているかを確認するには、  
遺伝子発現パネルに遺伝子名を入力します。



2 の遺伝子を照会した場合共発現したセルのみを選択することも可能

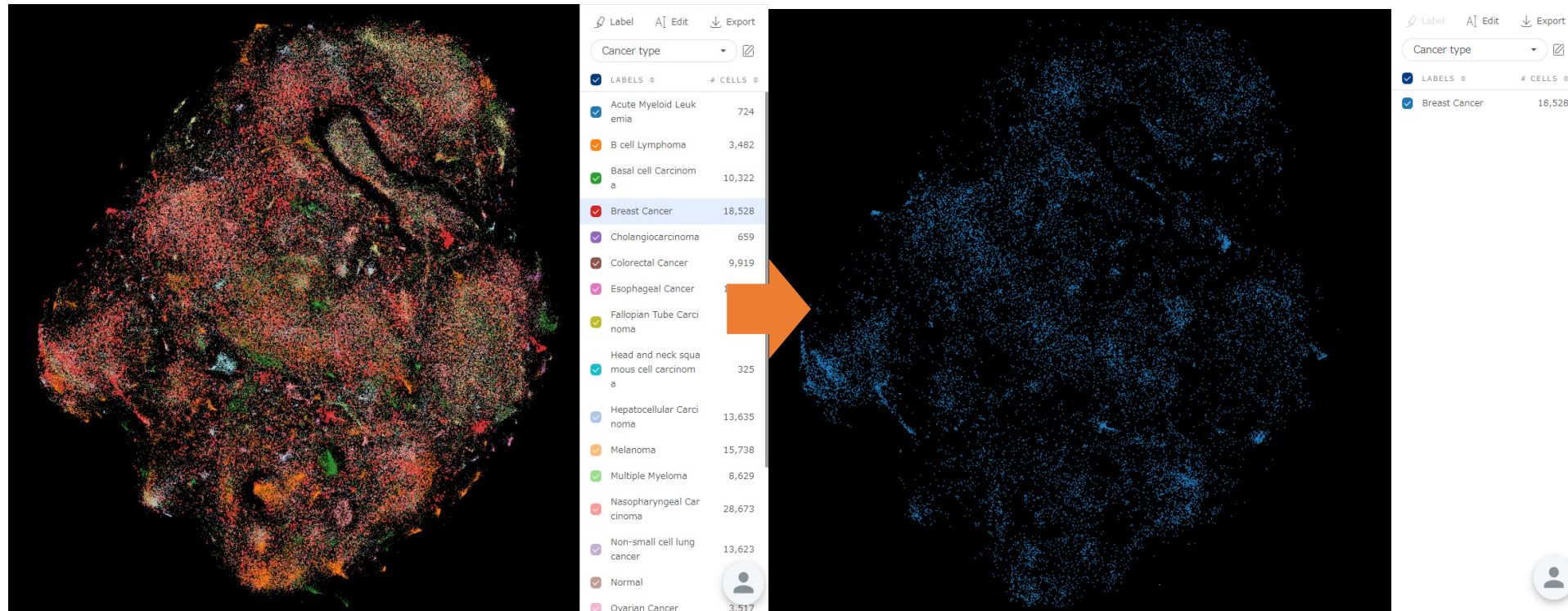
## グラフ化

検索した遺伝子発現の可視化を様々な図に描写できます。



## Sub-clustering

抽出したい細胞集団を選択し「Sub-clustering」ボタンをクリックだけで解析を実行できます。関心のあるグループのみが画面に表示されるまで、サブクラスタリングを何度でも実行できます。



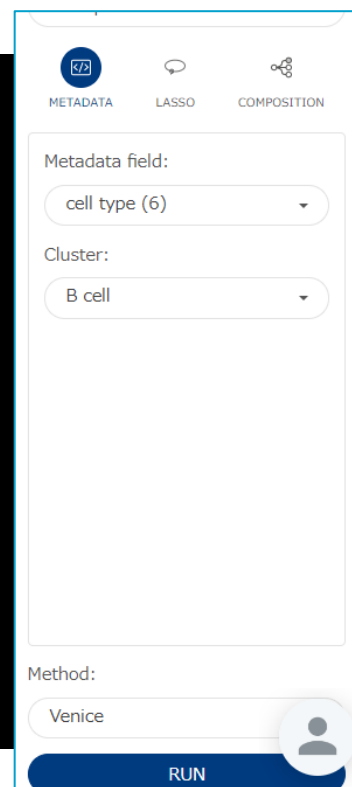
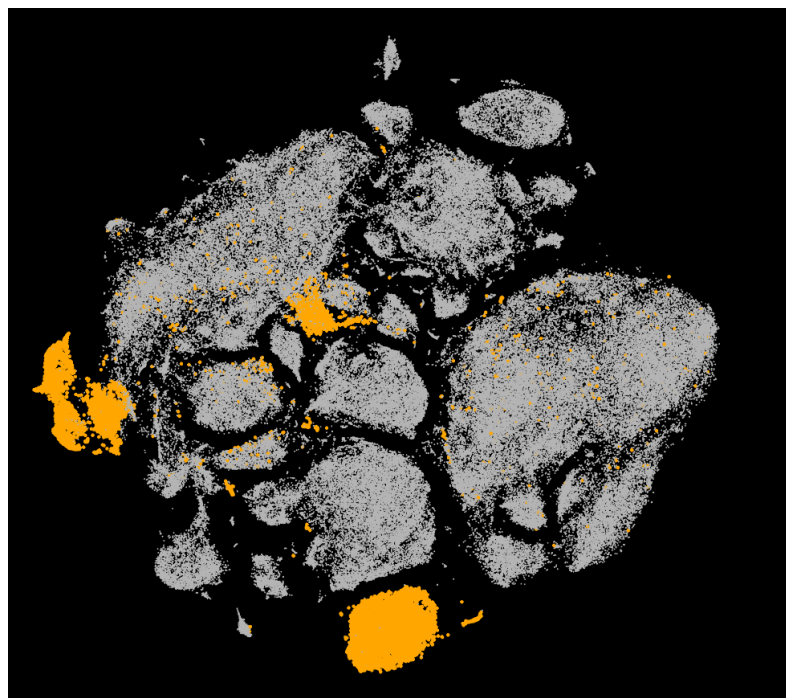
抽出したデータに対しても様々なツールを利用することができます。

# 特定の2つのクラスターを比較する



比較する2つのグループを選択する方法が3つサポートされています。

これまで作成したメタデータから選択



Software interface for selecting metadata fields and clusters. The interface includes a 'METADATA' tab, a 'LASSO' tab, and a 'COMPOSITION' tab. The 'Metadata field:' dropdown is set to 'cell type (6)'. The 'Cluster:' dropdown is set to 'B cell'. The 'Method:' dropdown is set to 'Venice'. A 'RUN' button is visible at the bottom.

投げ縄ツールで手動で範囲を指定

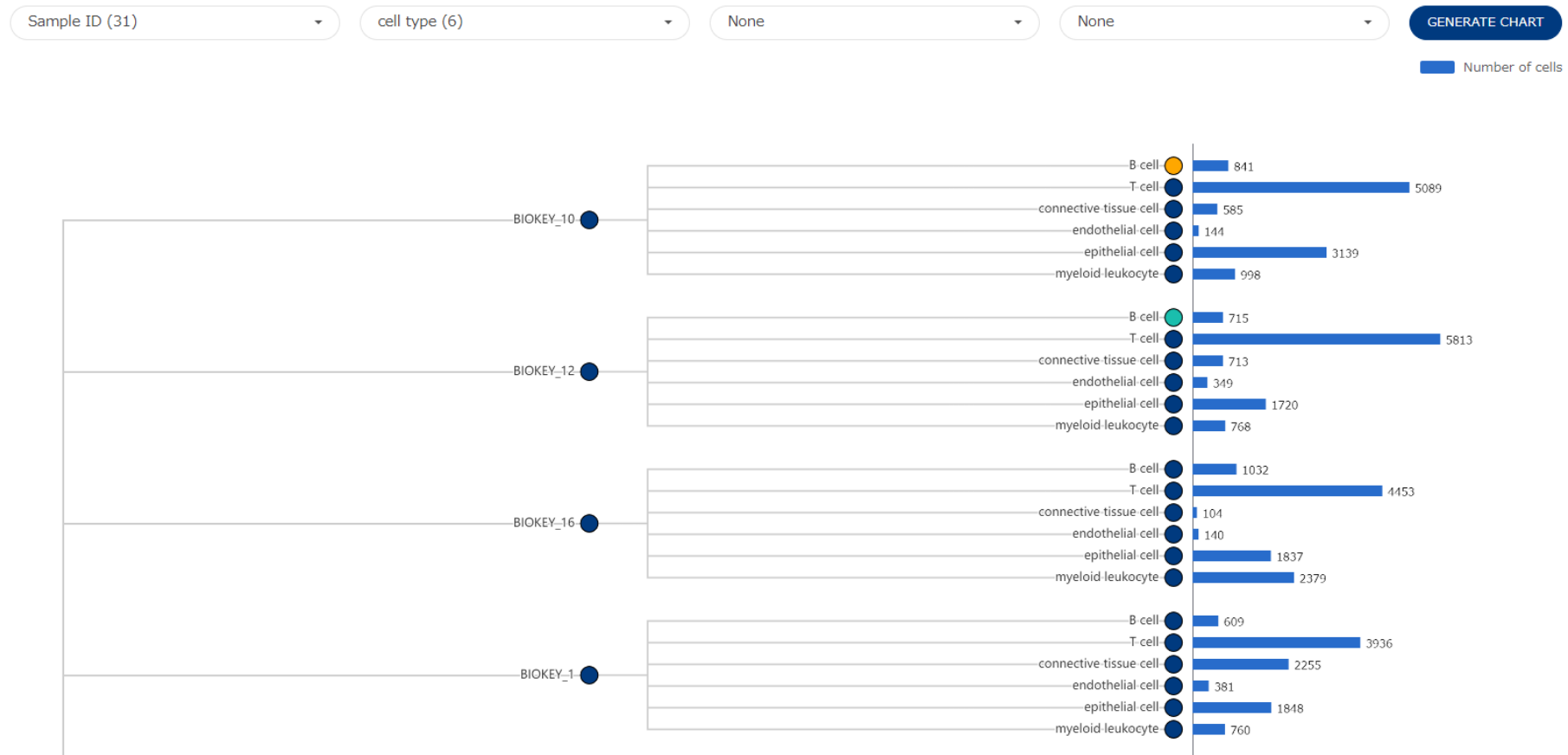


# 特定の2つのクラスターを比較する

## Compositionチャートを使用

これによりメタデータを分割させて目的のサンプルを指定できます。

以下の例では各サンプルのセルタイプを表し、サンプル1のB細胞とサンプル2のB細胞をクリック作業で指定して比較が可能。



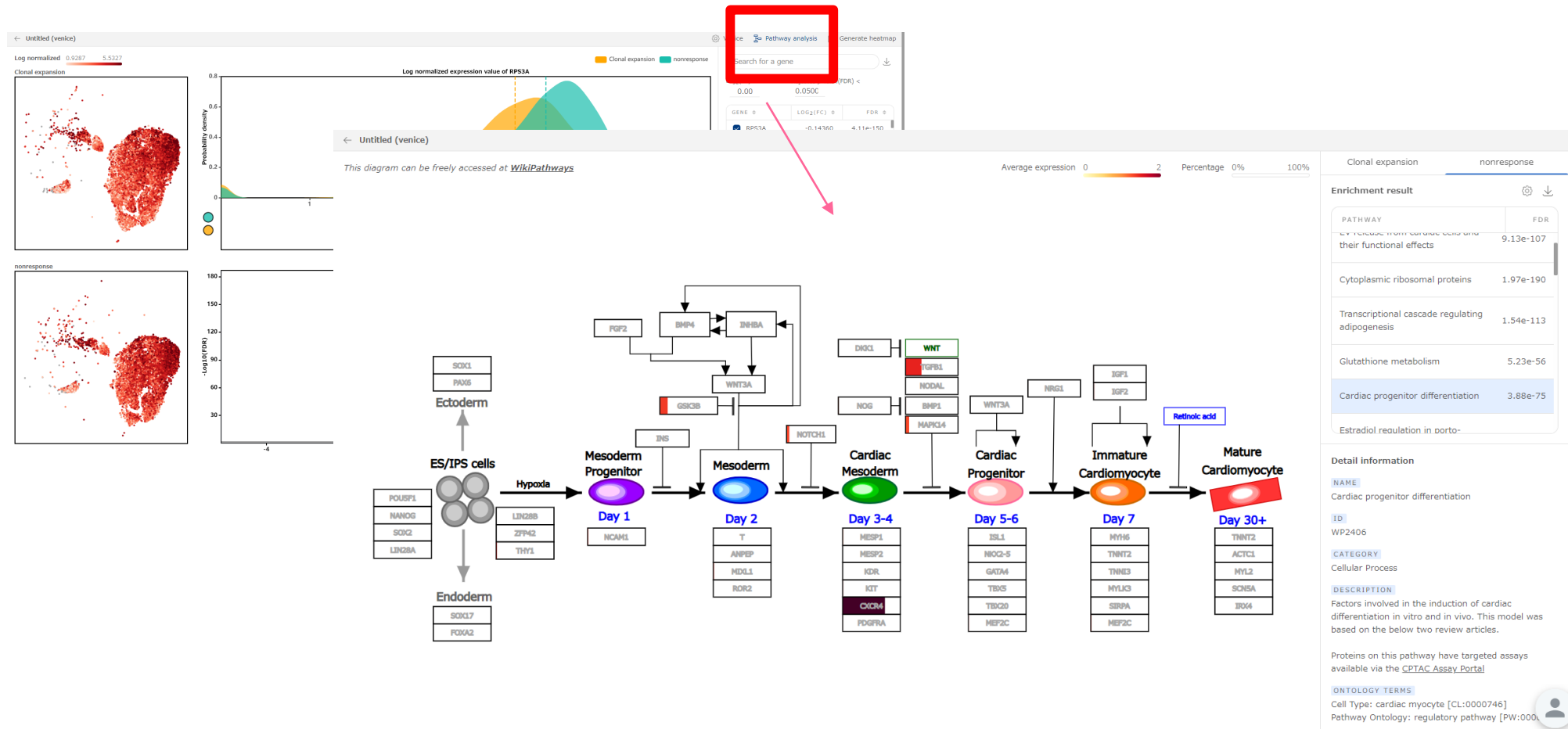
# 特定の2つのクラスターを比較する



DGEの結果は、summary table, volcano plot, scatter plots, probability density plotで表示されます。



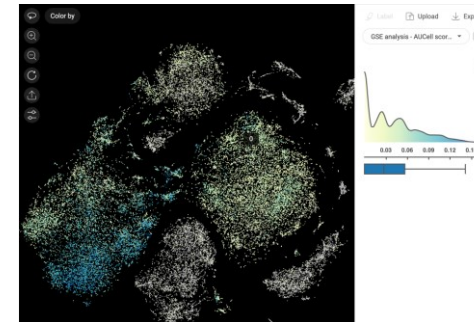
DGE の結果からパスウェイ解析の結果にアクセスできます。



細胞集団を選択→解析を実行のような同様の操作感で様々な下流分析に対応します。

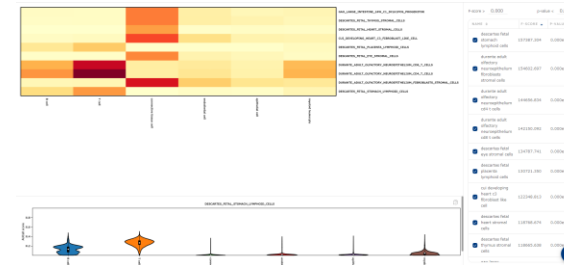
## AUCell enrichment

AUCell (Aibar et al., 2017) は、入力された遺伝子セットに対して、**全遺伝子のランキング**に基づいて各細胞における遺伝子セットの活性を評価し、スコアを返します。AUCell のスコアが高いということは、その遺伝子セットが細胞内で高度にエンリッチされていることを意味します。



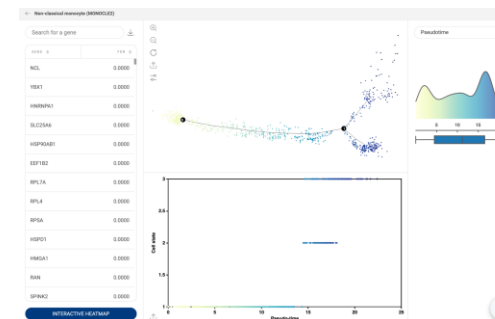
## エンリッチメント解析

グループ間の異なるエンリッチメント スコアをテストします。  
現在 (23.11) MSigDB データベースから利用可能なすべての遺伝子セットを収集しています。



## pseudotime解析

遺伝子発現プロファイルの動的な変化をモデル化することで、細胞の発生軌跡を再構築する計算アプローチです。





# 簡単に解析

ユーザーフレンドリーなソフトウェアで、プログラミングの知識が無くても素早く解析でき、お客様の解析作業を強力にサポートします。



**お問い合わせ先：フィルジェン株式会社**

TEL 052-624-4388 (9:00～17 : 00)

FAX 052-624-4389

E-mail: [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)