

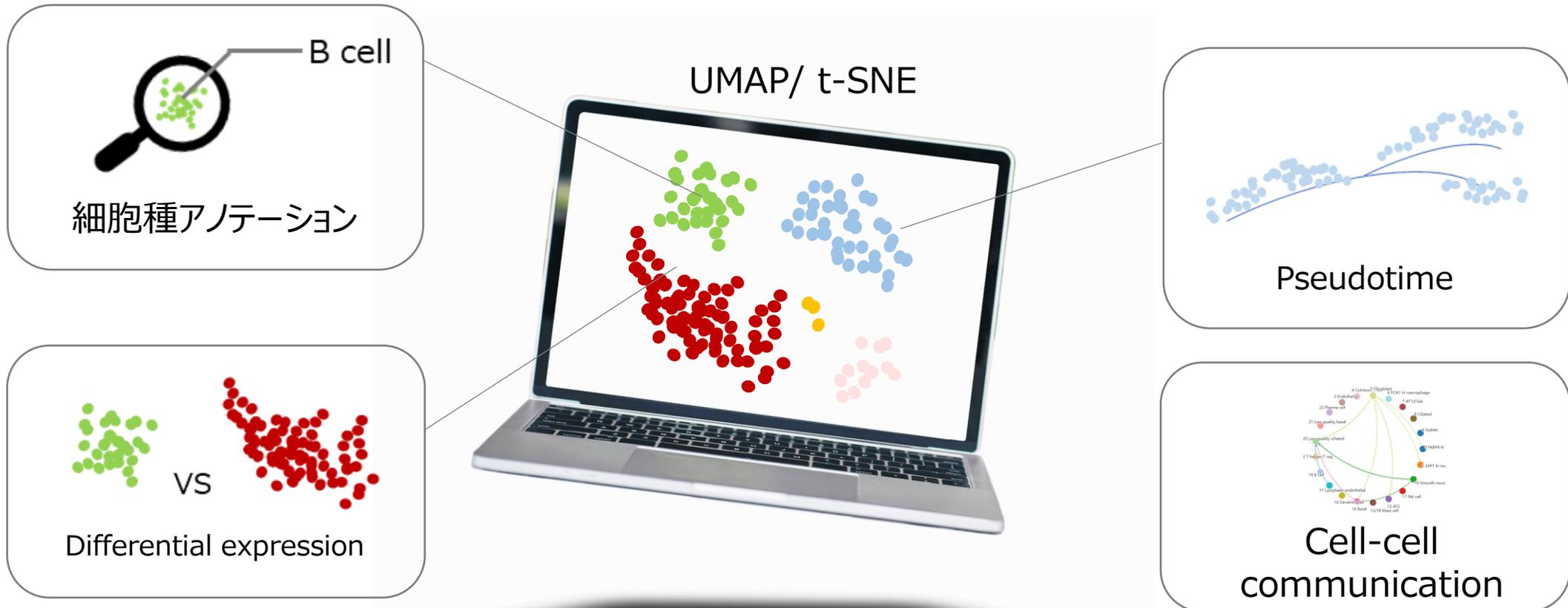


# 免疫細胞の役割を紐解く scRNA-seq データ解析入門

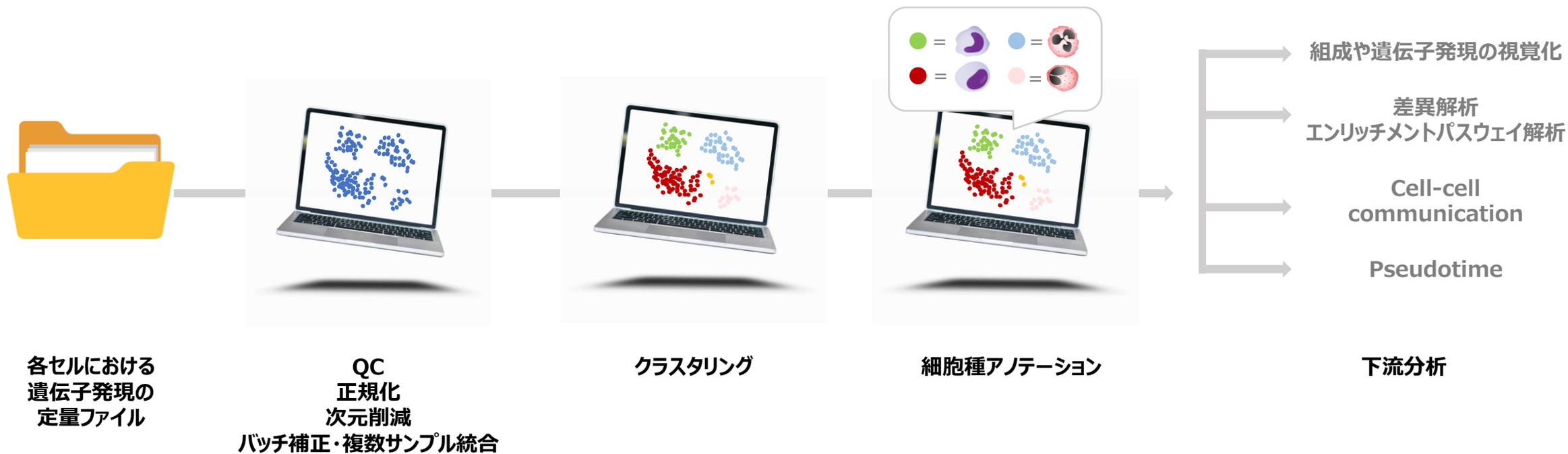
フィルジエン株式会社 バイオインフォマティクス部



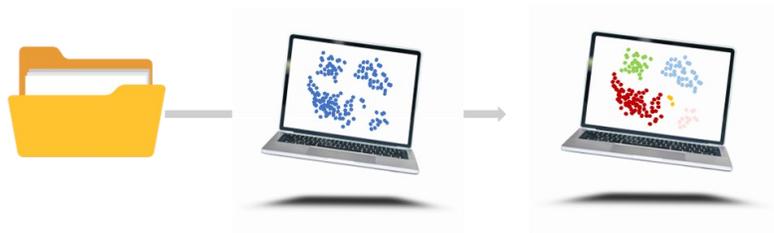
- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析
- データのインポートから下流分析まで解析がパイプライン化



# シングルセルRNA-Seqの解析フロー



# 次元削減プロットの作成とバッチ効果の補正



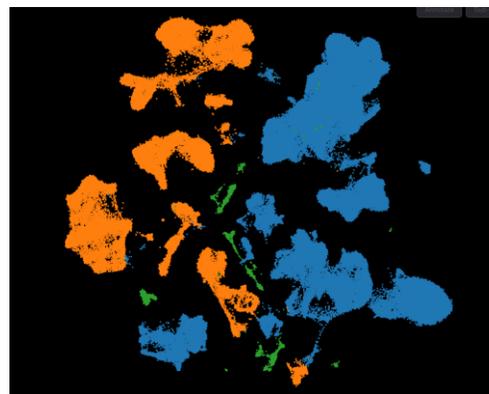
各セルにおける  
遺伝子発現の  
定量ファイル

QC  
正規化  
次元削減  
バッチ補正・複数サンプル統合

クラスタリング

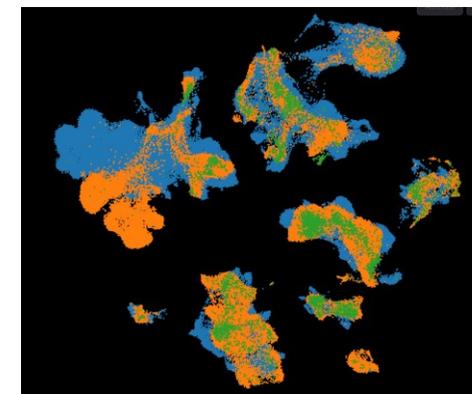
ファイルのインポートはドラッグアンドドロップ  
QCも直感的な入力

バッチ効果の補正前



ファイルのインポートのみで  
次元削減プロットまで自動作成

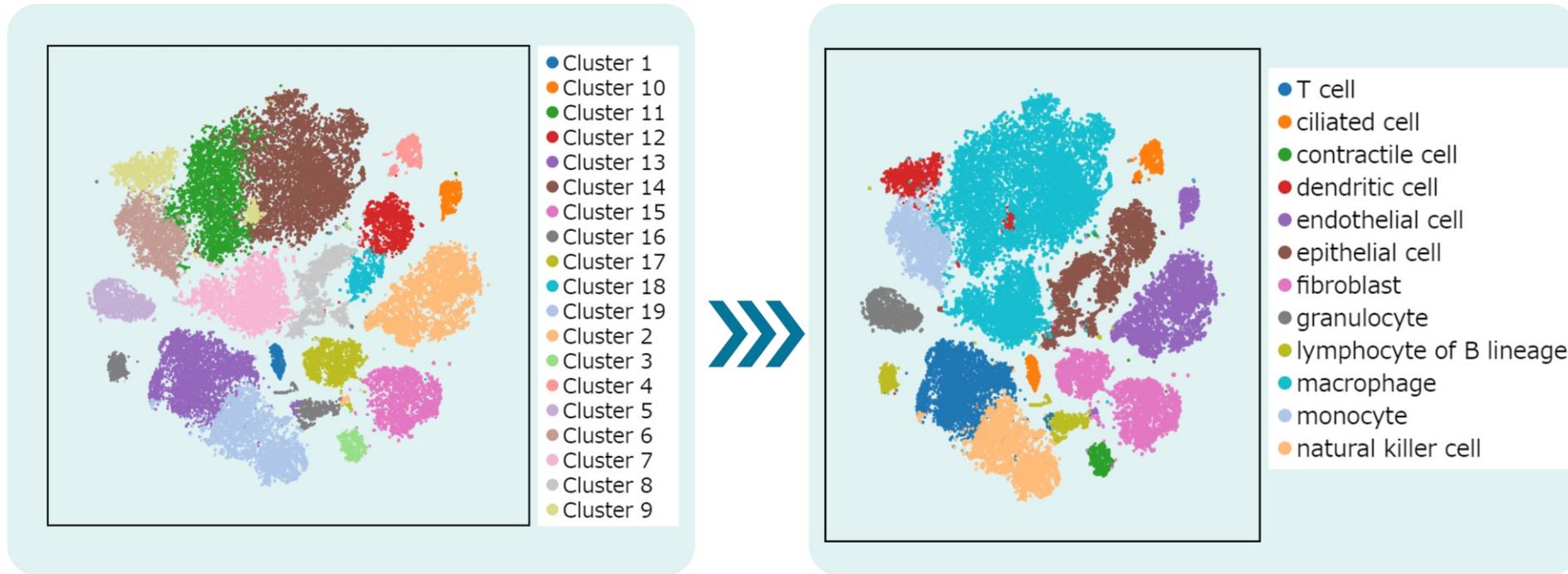
バッチ効果の補正後



複数のサンプルが含まれる場合は  
クリック操作で簡単に  
バッチ効果の補正が可能

クラスタリングも  
同様クリック操作で解析可能

- 比較解析や高度な解析を行うには、細胞種のアノテーションが必要

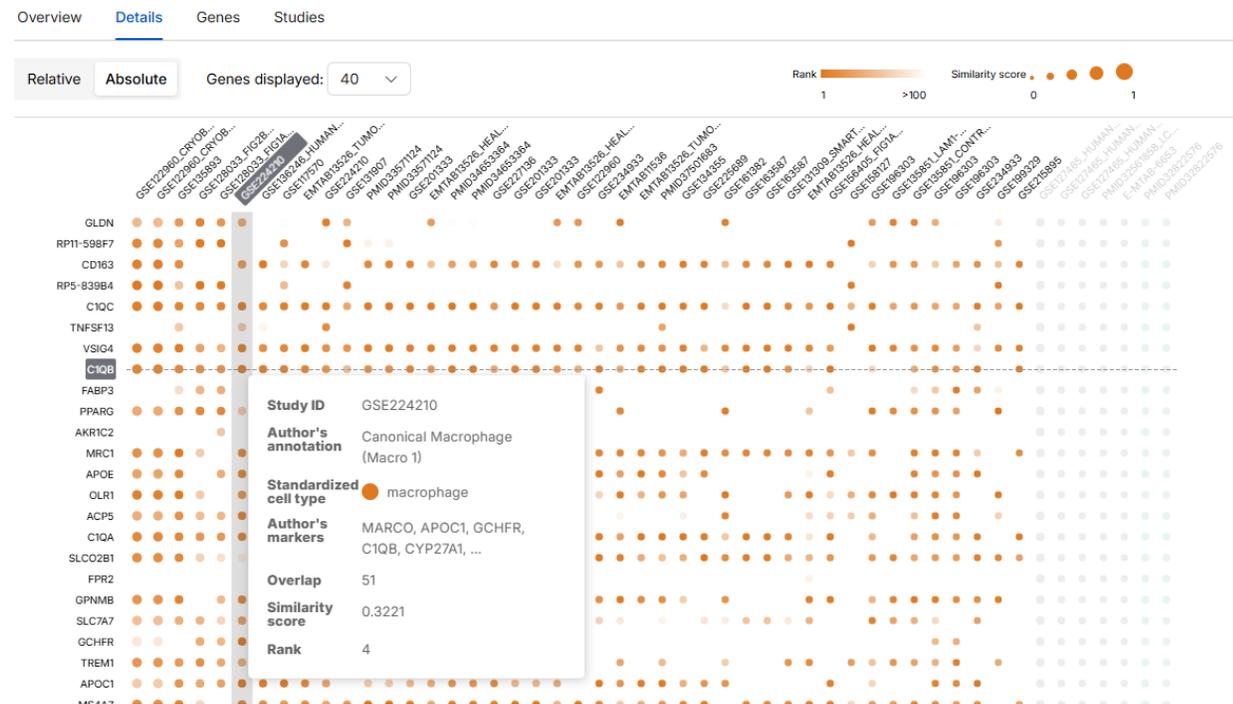
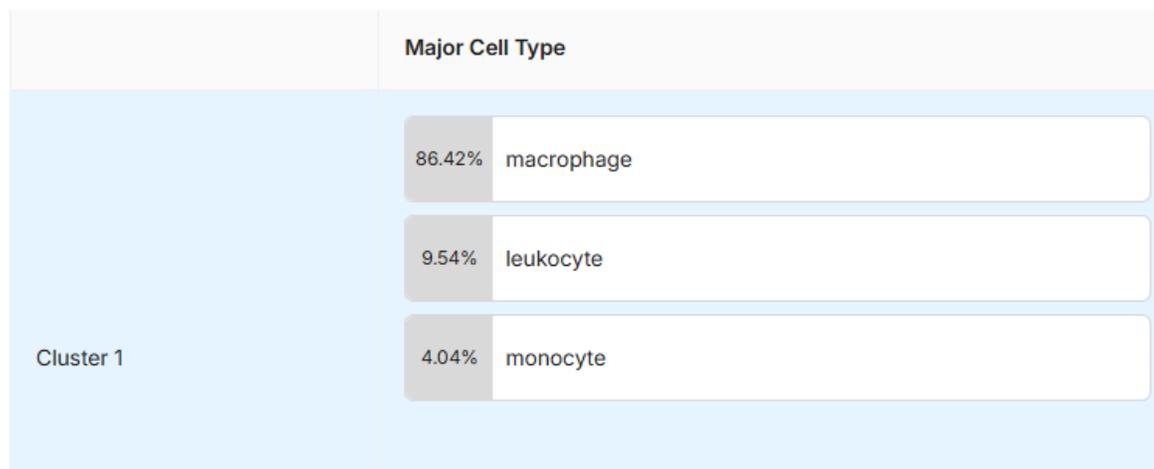


番号だけのクラスタリング結果

各クラスターがどのような細胞種であるか可視化

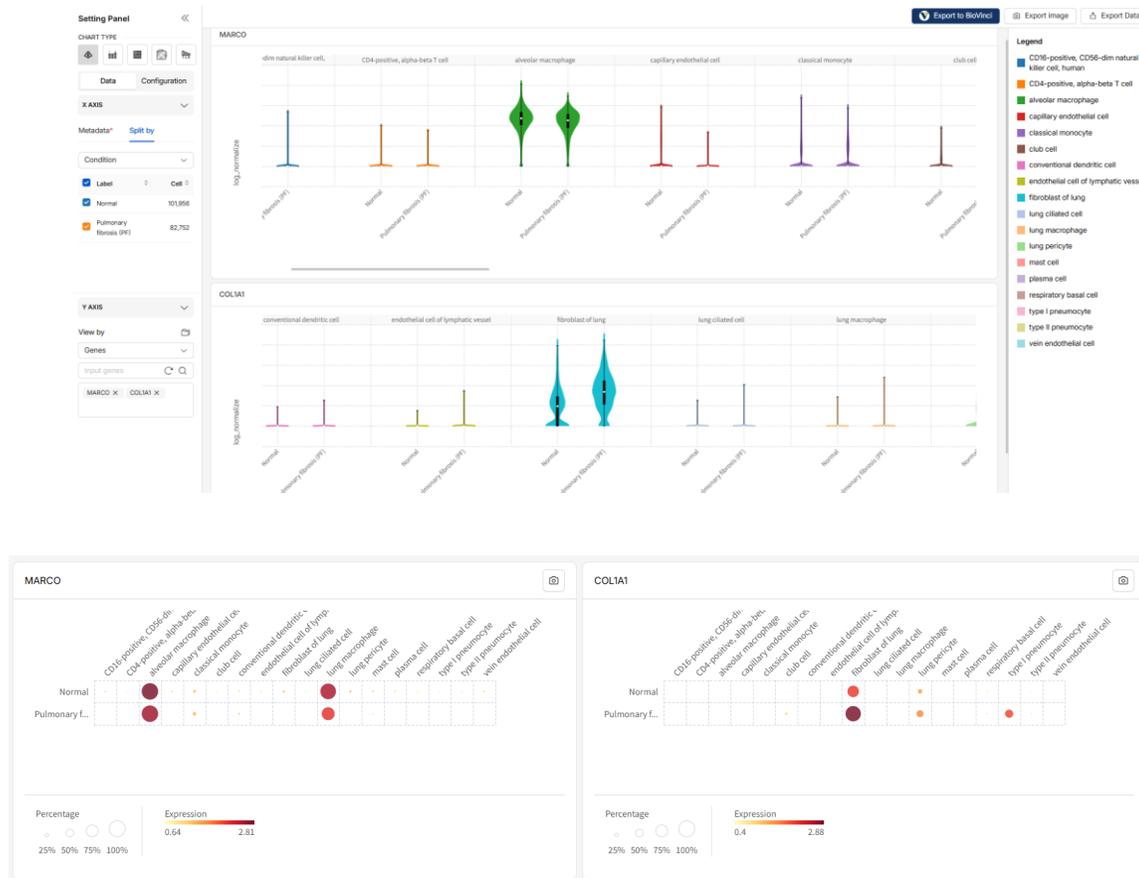
しかし、アノテーション作業時間を要する→BBrowserX Proでは自動アノテーション機能を搭載

最終的にどの細胞種を割り当てるべきかの参考となる結果が得られます。

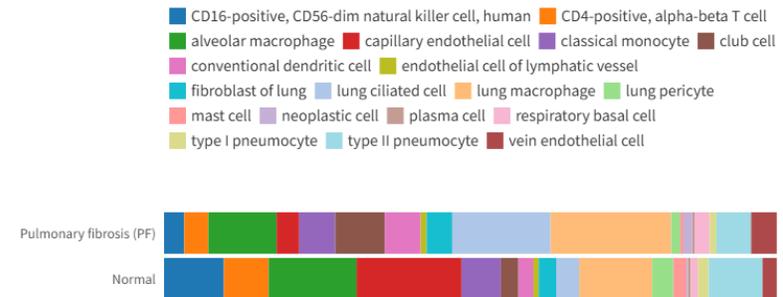


他の研究で著者がどのように細胞種名を付けているかや、使用されたマーカー遺伝子を確認できます。

作成したメタデータと任意の遺伝子を入力するだけで  
さまざまな図表を作成できます。



Proportions of MetaReference prediction across Condition



capillary endothelial cell in Pulmonary fibrosis (PF): 3043 cells (3.68%)



# Differential expression

比較したい細胞群を直感的に指定できます。

View mode: Compact Normal

Select cells for groups

GROUP 1

25507 cells selected.  
Clear

... - Pulmonary fibrosis (PF) 8.6K cells ×

... - Pulmonary fibrosis (PF) 16.9K cells ×

GROUP 2

26775 cells selected.  
Clear

... - Normal 18.2K cells ×

... - Normal 8.6K cells ×

Level 1: MetaReference predic...  
alveolar macrophage ×  
lung macrophage ×

Level 2: Condition [2]  
---All---

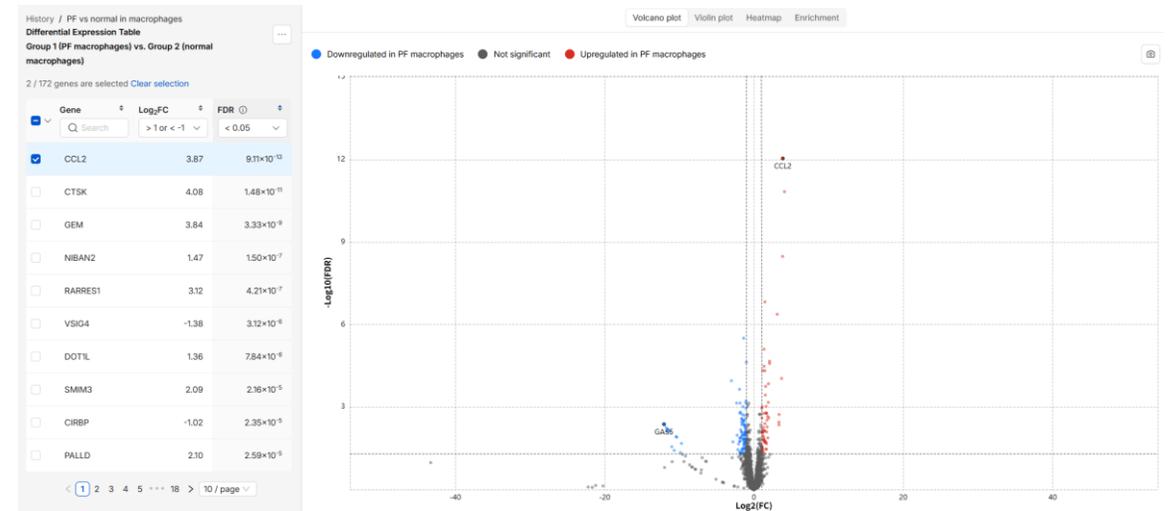
+ ADD LEVEL

例)  
level1に細胞種のメタデータ、level2にconditionを指定するとCOMPOSITIONチャートが自動的に作成されます。

ここで各マクロファージの肺線維症をクリックするとグループ1として定義できます。

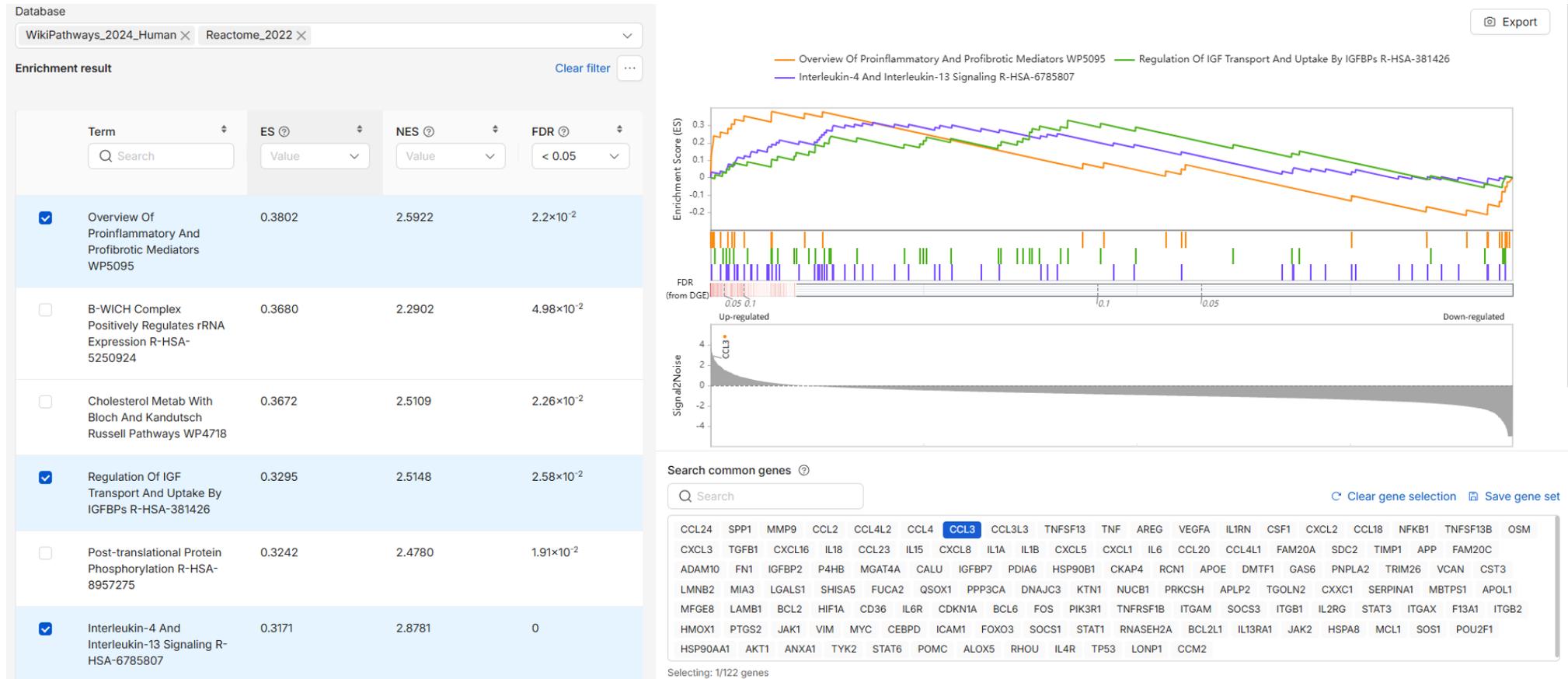
その後左側のパネルがグループ2をクリックし各マクロファージのNormalをクリックすることで、

特定の細胞種における健康と患者のグループを簡単に比較できます。



ボルケーノプロットを備えたインタラクティブなダッシュボードで視覚的な比較が可能です。

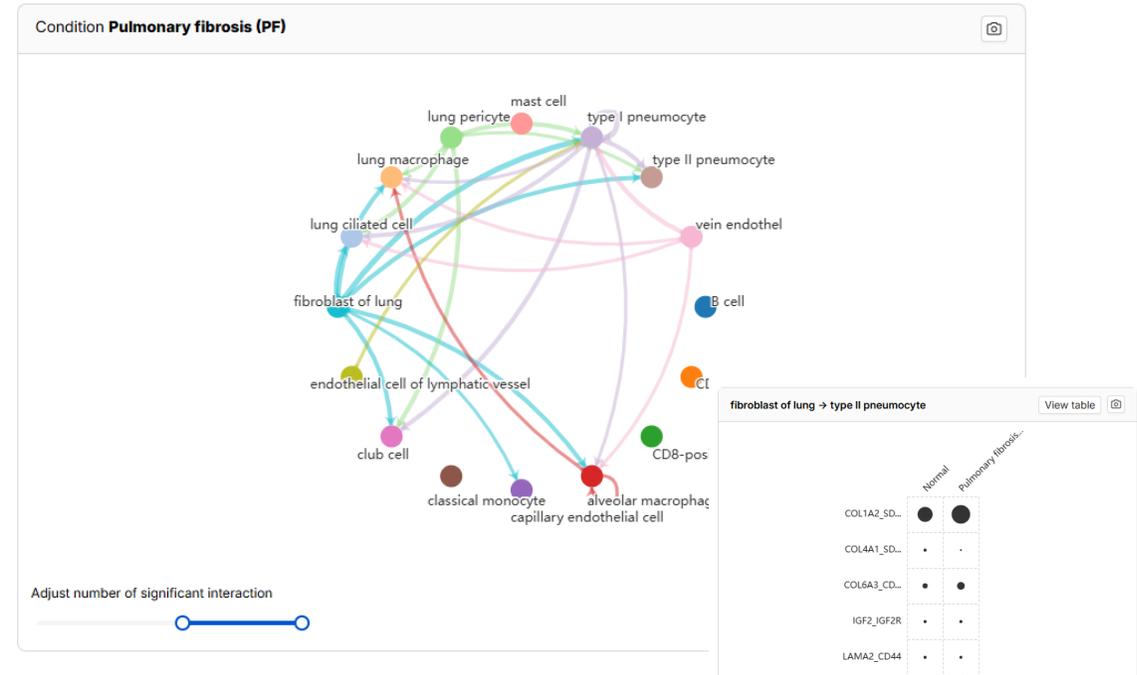
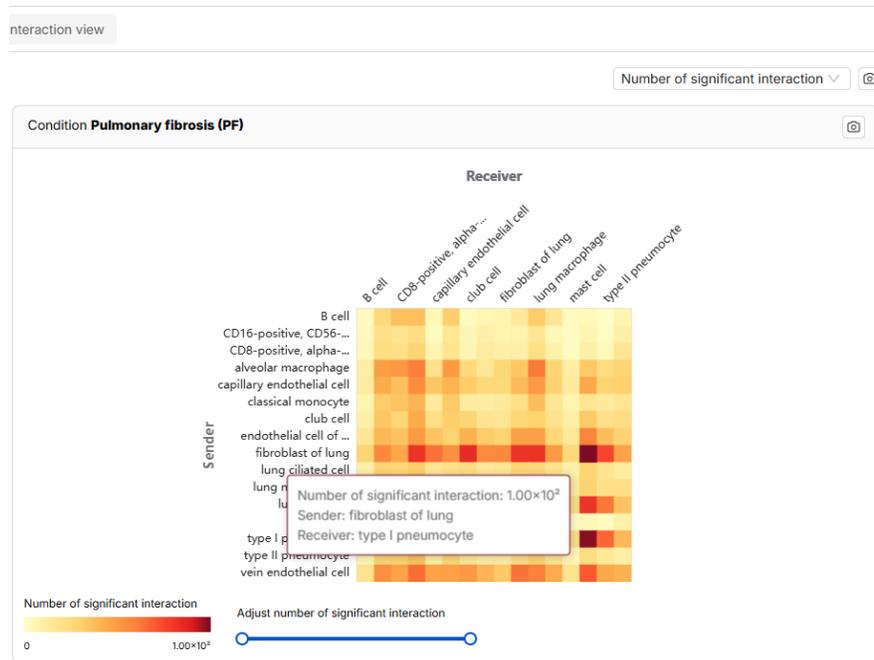
## Differential expression解析の結果から簡単に解析可能



遺伝子の背後にある生物学的メカニズムを明らかにすることができます。

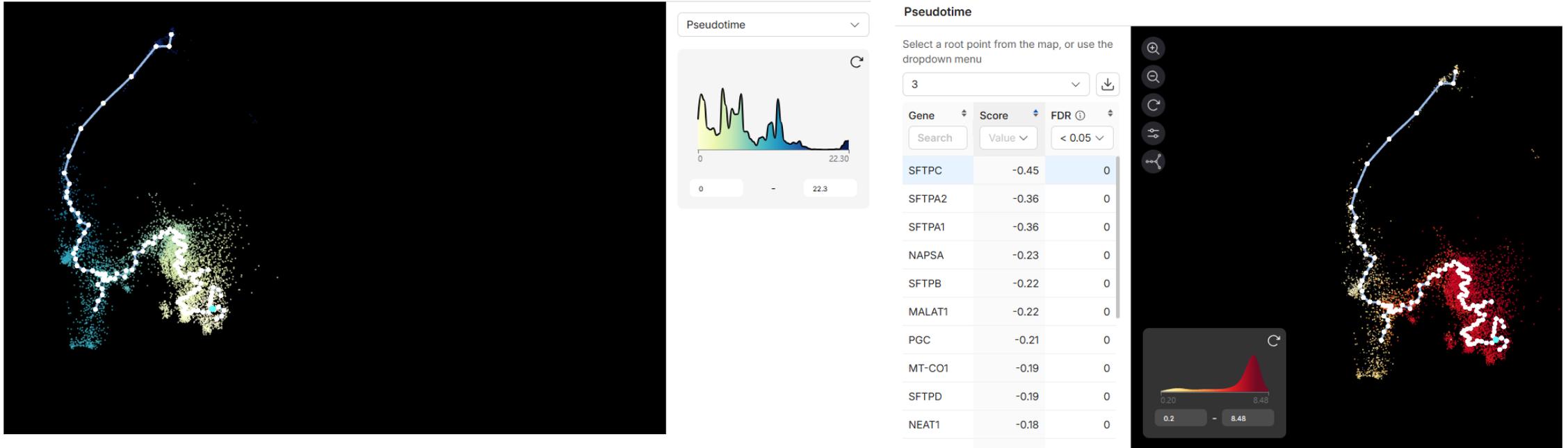
# Cell-cell communication

CellChatアルゴリズムに基づくCell-Cell Communication解析は、  
シングルセル遺伝子発現データから細胞間シグナル伝達ネットワークを推定・解析・可視化することで、  
細胞周期やアポトーシス、細胞の移動や分化といった複雑な細胞プロセスの理解を深める手がかりとなります。



# Pseudotime analysis

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、細胞の発生や分化の軌跡を再構築する計算的手法です。



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: [support@filgen.jp](mailto:support@filgen.jp)