

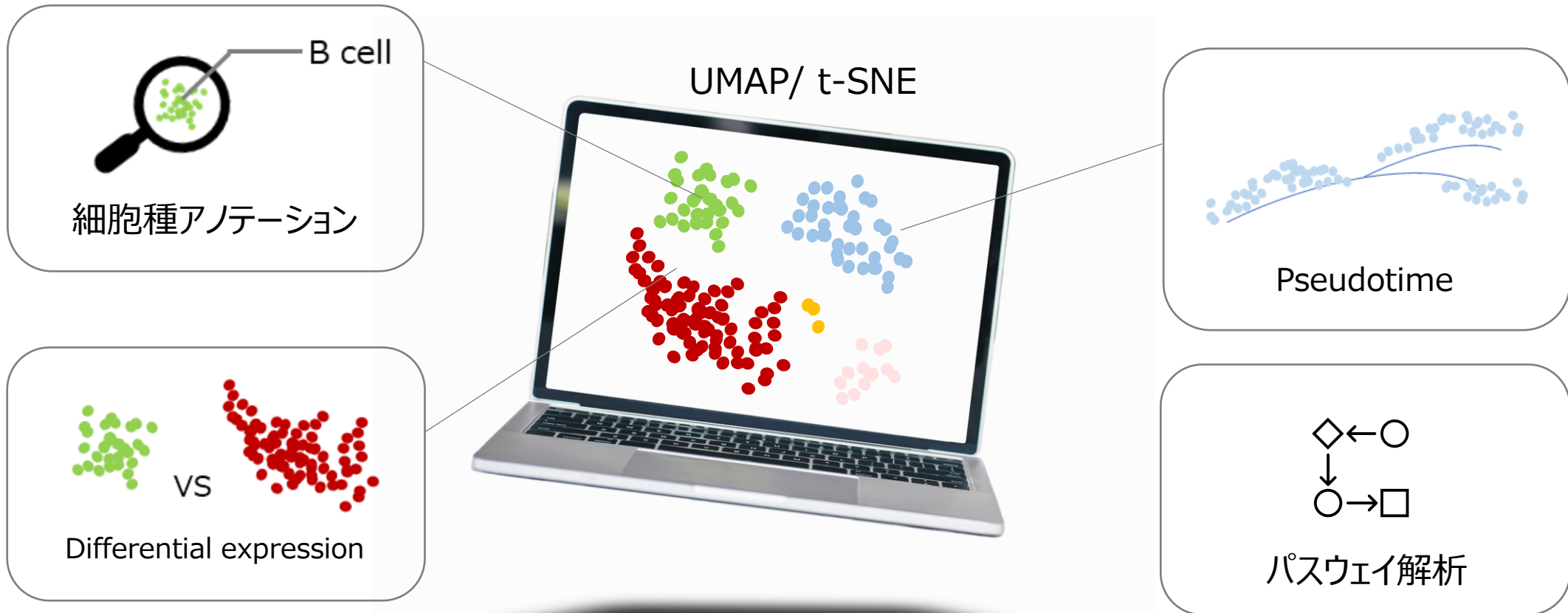


シングルセル RNA-Seq 解析の 細胞種同定 (アノテーション)

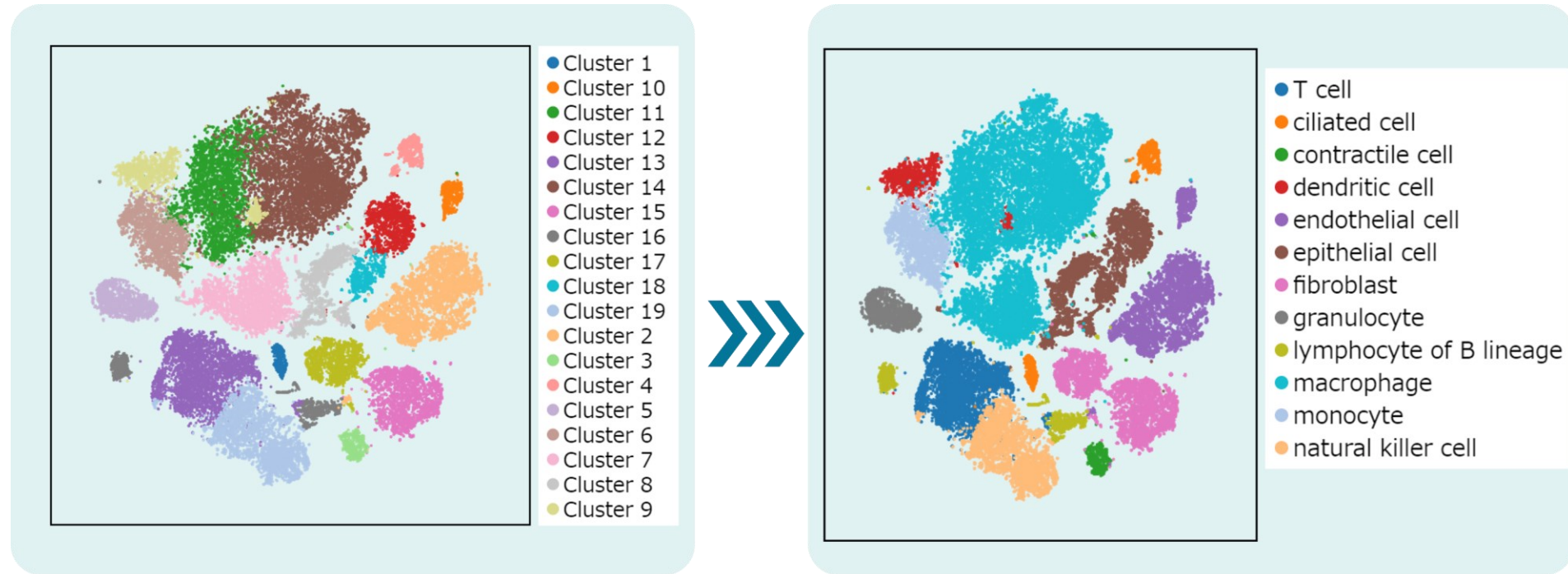




- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析
- データのインポートから下流分析まで解析がパイプライン化



- 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

Cell type prediction

本ウェビナーではマーカー遺伝子ベースの予測方法をご説明

- Meta Reference Prediction
- Model-based Prediction
- Prediction using user's Gene sets

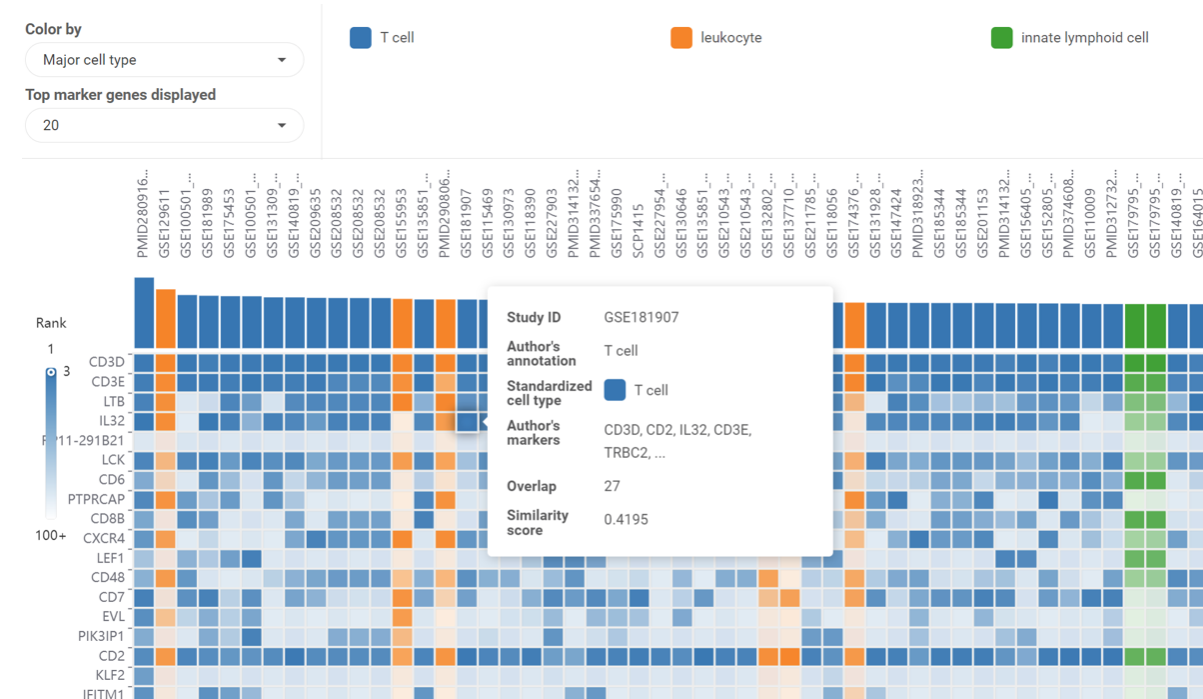
MetaReference

*以下はヒトデータの場合

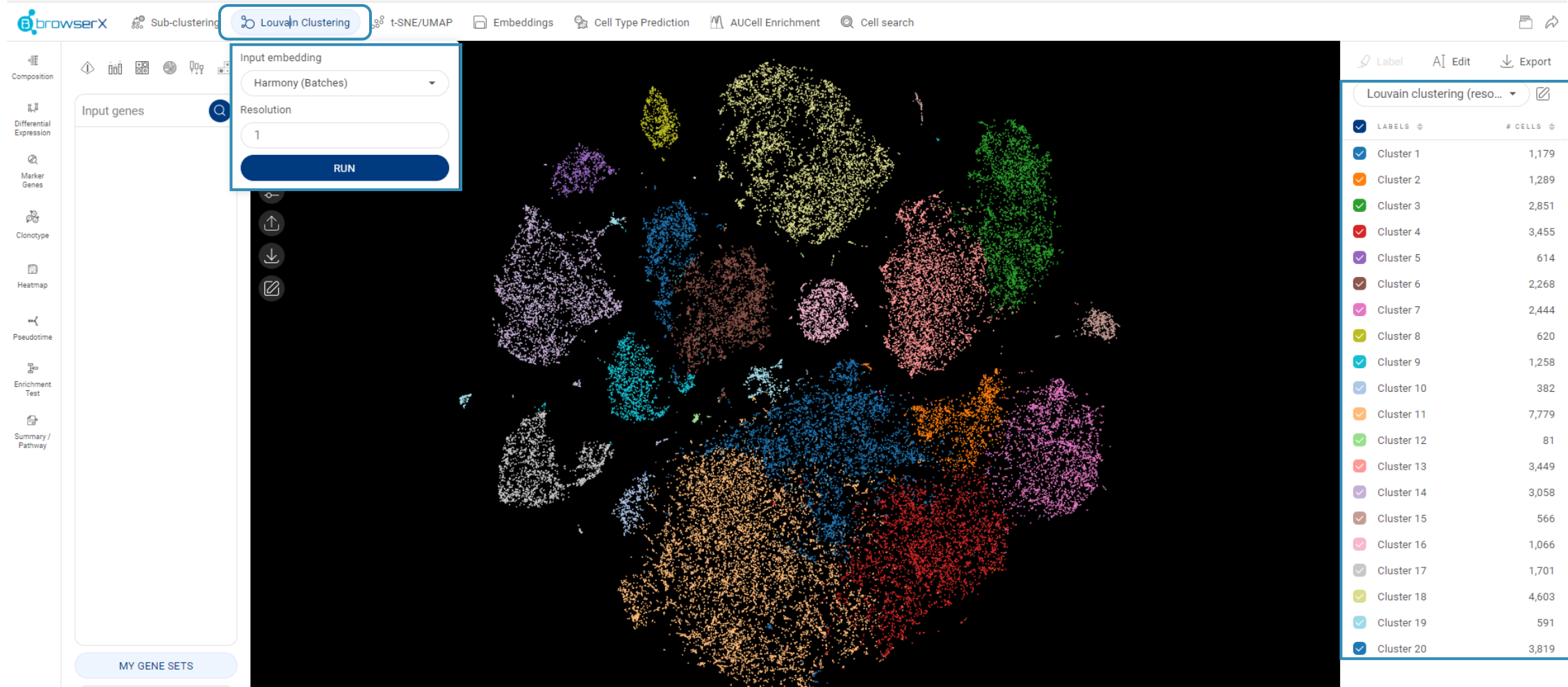
約1,400のヒトデータセット

16,000を超えるマーカー遺伝子

600を超える細胞種

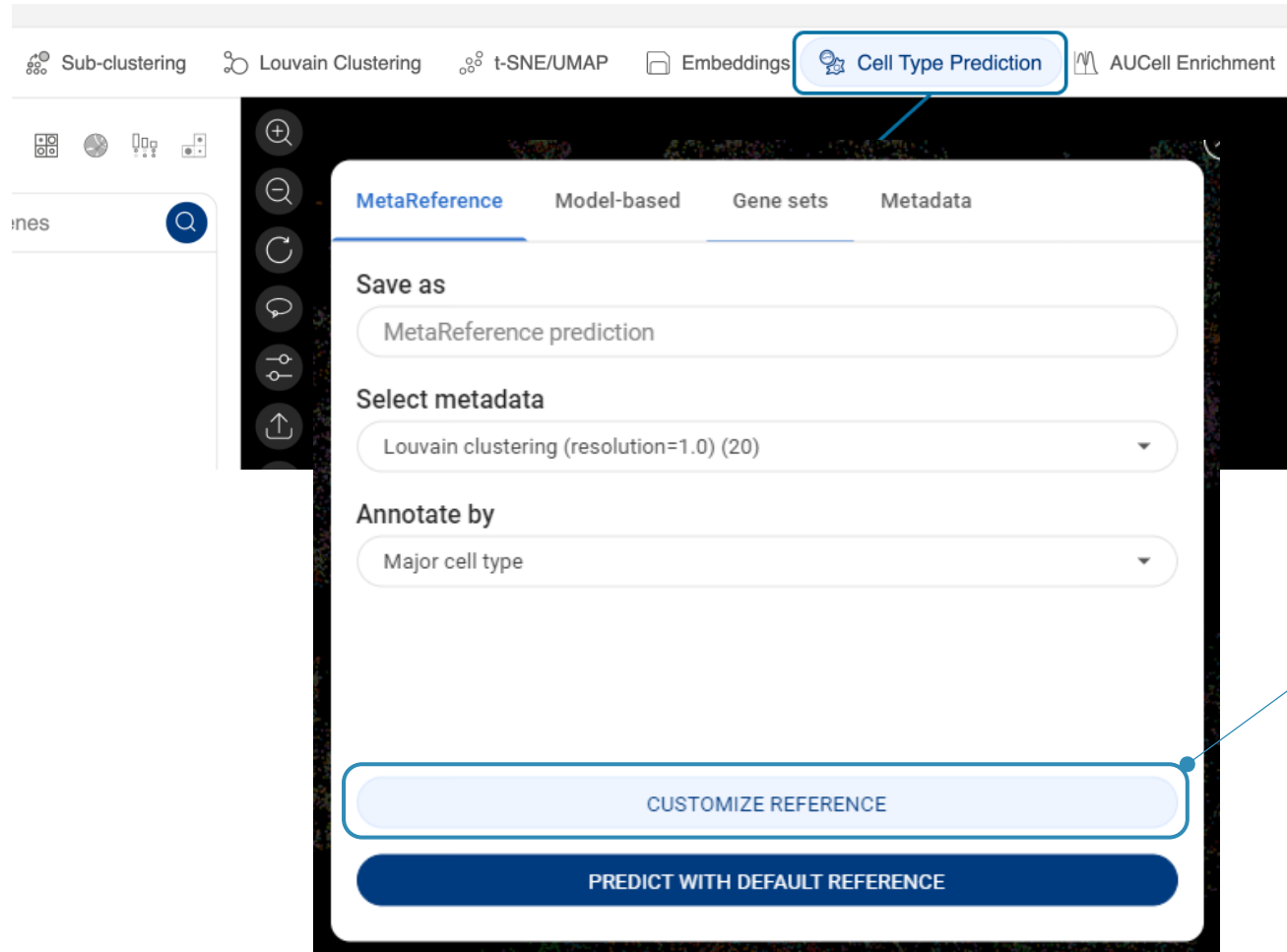


解析設定画面①



予測にはクラスタリング結果が必要なため、
[Louvain Clustering] ボタンをクリックしてクラスタリングを実行

解析設定画面①



オプションで特定の細胞種、組織情報に絞ることやオリジナルの遺伝子セット情報を含めて解析することも可能

[CELL TYPE PREDICTION] ボタンをクリックして
MetaReferenceメニューのSelect metadataにLouvain Clustering で作成されたメタデータを指定

解析結果①

各クラスターで予測されたマーカー遺伝子の割合が表示されます。

[Overview](#) [Details](#) [Download](#)

CLUSTER	PREDICTION		FINAL ANNOTATION
	MAJOR CELL TYPE	SUB CELL TYPE	
Cluster 1	81.93% hematopoietic cell	23.55% granulocyte monocyte progenitor cell	Cluster 1
	10.32% granulocyte	23.53% neutrophil progenitor cell	
	4.47% monocyte	22.56% common myeloid progenitor	
	3.28% leukocyte	6.49% neutrophil	
		23.87% Other	
Cluster 10	93.55% lymphocyte of B lineage	63.80% plasma cell	Cluster 10
	2.19% cell	12.13% B cell	
	2.17% T cell	7.26% plasmablast	
	2.08% dendritic cell	4.20% IgA plasma cell	
		12.61% Other	

Cluster

Cluster 10

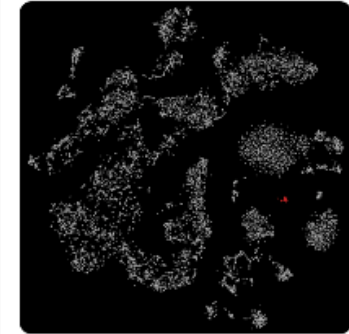
Final annotation

Input final annotation

Marker genes

Rank	Gene Symbol
1	PARM1
2	MZB1
3	TNFRSF17
4	DERL3
5	SDC1
6	IGLL5
7	IGJ
8	FKBP11

[USE MAJOR CELL TYPE ANNOTATION](#) [USE SUB CELL TYPE ANNOTATION](#) [SAVE TO METADATA](#) [SAVE THIS GENE SET](#)



解析結果②

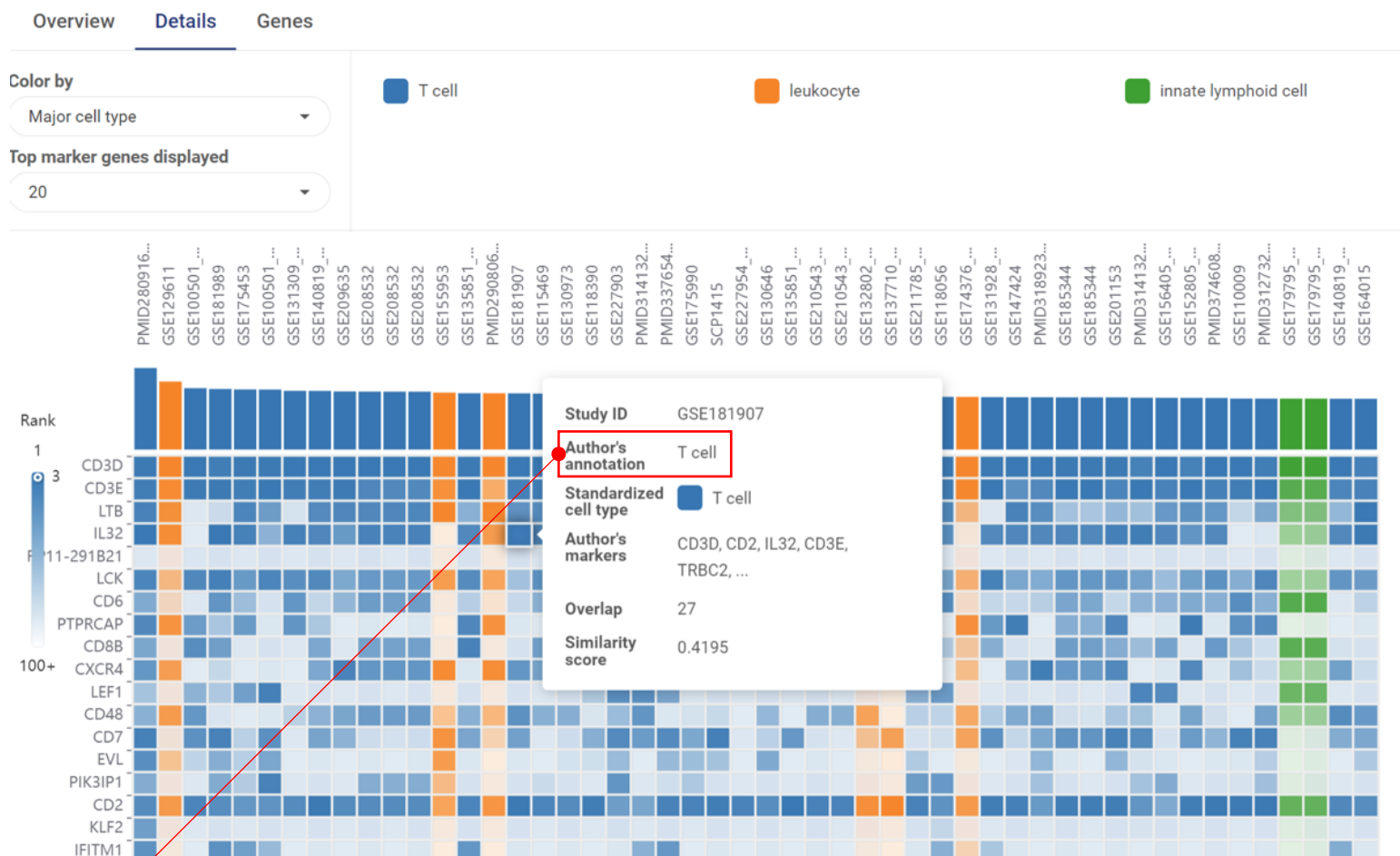
スコアの表やt-SNE/UMAP上で遺伝子発現をみることができます。



マーカー遺伝子がどのクラスターでどの程度発現しているか、図と表から判断できます。

解析結果③

予測されたクラスターとデータベース内の研究データセット間の類似度スコアのヒートマップ



他の著者らがどのようなアノテーション名にしたか確認することもできます。

解析結果④

論文へアクセスすることも可能です。

Overview

Details

Genes

Studies

Search study

Q

Download

Total: 50 studies

STUDY ID	TITLE	AUTHORS	AUTHOR LABEL	MARKERS	CELL TYPE	TISSUE	CONDITION	SUSPENSION	SIMILARITY SCORE
GSE128033_FIG2B	Proliferating SPP1/MERTK-expressing macrophages in idiopathic pulmonary fibrosis (Fig.2B)	Christina Morse +13 authors	14 Basal	KRT5, KRT15, KRT17, S100A2 +6 markers	respiratory basal cell	lower lobe of lung +2 tissues	interstitial lung disease 2 +1 condition	Cell	0.8313
GSE128169	Single-cell analysis reveals fibroblast heterogeneity and myofibroblasts in systemic sclerosis-associated interstitial lung disease	Eleanor Valenzi +7 authors	Basal	KRT5, KRT17, S100A2, KRT15 +6 markers	respiratory basal cell	lower lobe of lung +2 tissues	interstitial lung disease +1 condition	Cell	0.7644
GSE135893	Single-cell RNA sequencing reveals profibrotic roles of distinct epithelial and mesenchymal lineages in pulmonary fibrosis	Arun C. Habermann +28 authors	Basal	KRT5, KRT17, KRT15, S100A2 +6 markers	respiratory basal cell	lung	pulmonary fibrosis +1 condition	Cell	0.6123
GSE128033_FIG2B	Proliferating SPP1/MERTK-expressing macrophages in idiopathic pulmonary fibrosis (Fig.2B)	Christina Morse +13 authors	21 Low quality basal	KRT17, S100A2, KRT15, KRT5 +6 markers	respiratory basal cell	lower lobe of lung +2 tissues	interstitial lung disease 2 +1 condition	Cell	0.6012
GSE227136	Cell type-specific and disease-associated eQTL in the human lung	Heini M Natri +17 authors	Basal	KRT5, KRT17, KRT15, S100A2 +6 markers	respiratory basal cell	lung	interstitial lung disease 2 +7 conditions	Cell	0.5986
GSE227136	Cell type-specific and disease-associated eQTL in the human lung	Heini M Natri +17 authors	Basal	KRT5, KRT17, KRT15, S100A2 +6 markers	respiratory basal cell	lung	interstitial lung disease 2 +7 conditions	Cell	0.5986
GSE159354	Molecular mapping of interstitial lung disease reveals a phenotypically distinct senescent basal epithelial cell population	Daryle J DePianto +7 authors	Basal-1 cells	KRT5, KRT15, MIR205HG, SERPINB5 +6 markers	respiratory basal cell	lung	interstitial lung disease +2 conditions	Cell	0.5960
UPENN_LUNGMAP	Guided construction of single cell reference for human and mouse lung (UPENN_LUNGMAP)	Minzhe Guo +30 authors	Basal	KRT5, KRT17, KRT15, S100A2 +6 markers	basal cell	lung	normal	Cell	0.5683
PMID33208946_10X	A molecular cell atlas of the human lung from single-cell RNA sequencing (10X)	Kyle J. Travaglini +17 authors	Basal	KRT17, MIR205HG, S100A2, KRT15 +6 markers	basal cell	lower lobe of left lung +3 tissues	normal	Cell	0.5572

Cluster

Cluster 1

Final annotation

respiratory basal cell

Prediction

Marker genes

Cell type level

Sub cell type

39.94%

respiratory basal cell

6.75%

keratinocyte

3.99%

epithelial cell of lung

2.19%

airway submucosal gland duct basal cell

1.75%

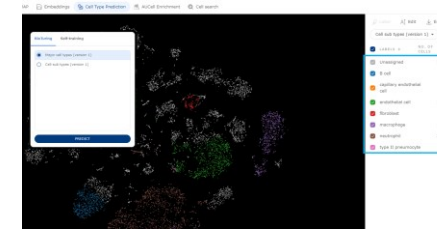
basal cell of olfactory epithelium

1.74%

basal cell of prostate epithelium

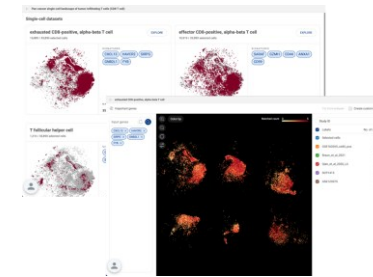
Model-based Prediction

BioTuring社の包括的なデータベースに基づいて構築された自動 Cell Type 予測機能です。クリックだけで細胞種の予測を行うことが可能です。



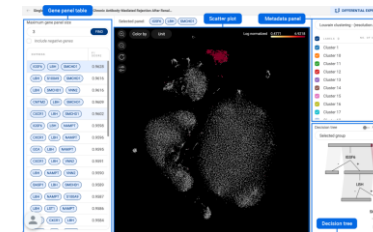
Cell search

Cell search 機能は、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。



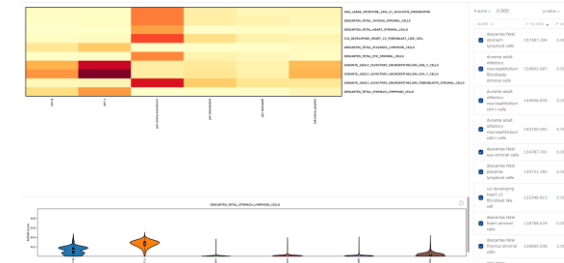
Marker genes

Marker genes は、ある細胞集団を他の細胞集団と区別するのに役立つ遺伝子パネル（発現量の異なる遺伝子のセット）を見つけることが出来る機能です。



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。



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