



はじめてでもできる空間トランスクリプトームデータ解析

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



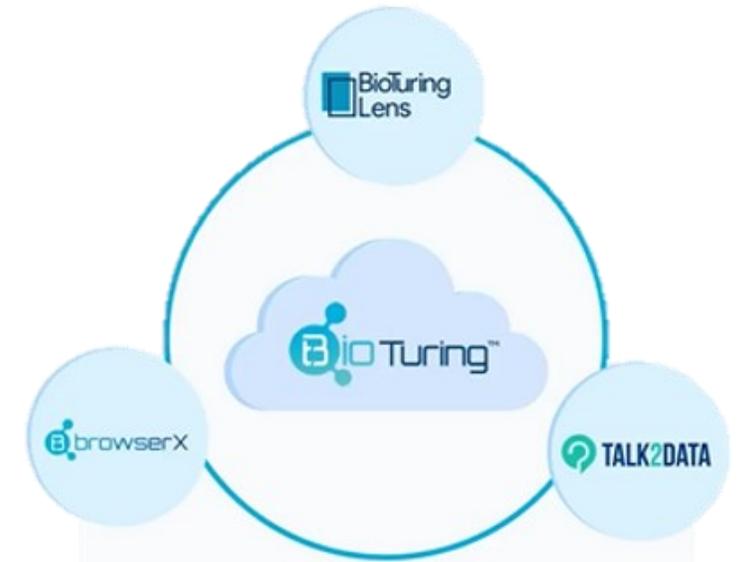
- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析



- 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



- さらにBioTuring Lensは2つのライセンスに分かれます (23.11現在)

**BioTuring Lens**
Bulk spatial omics analytics platform
[Explore](#)

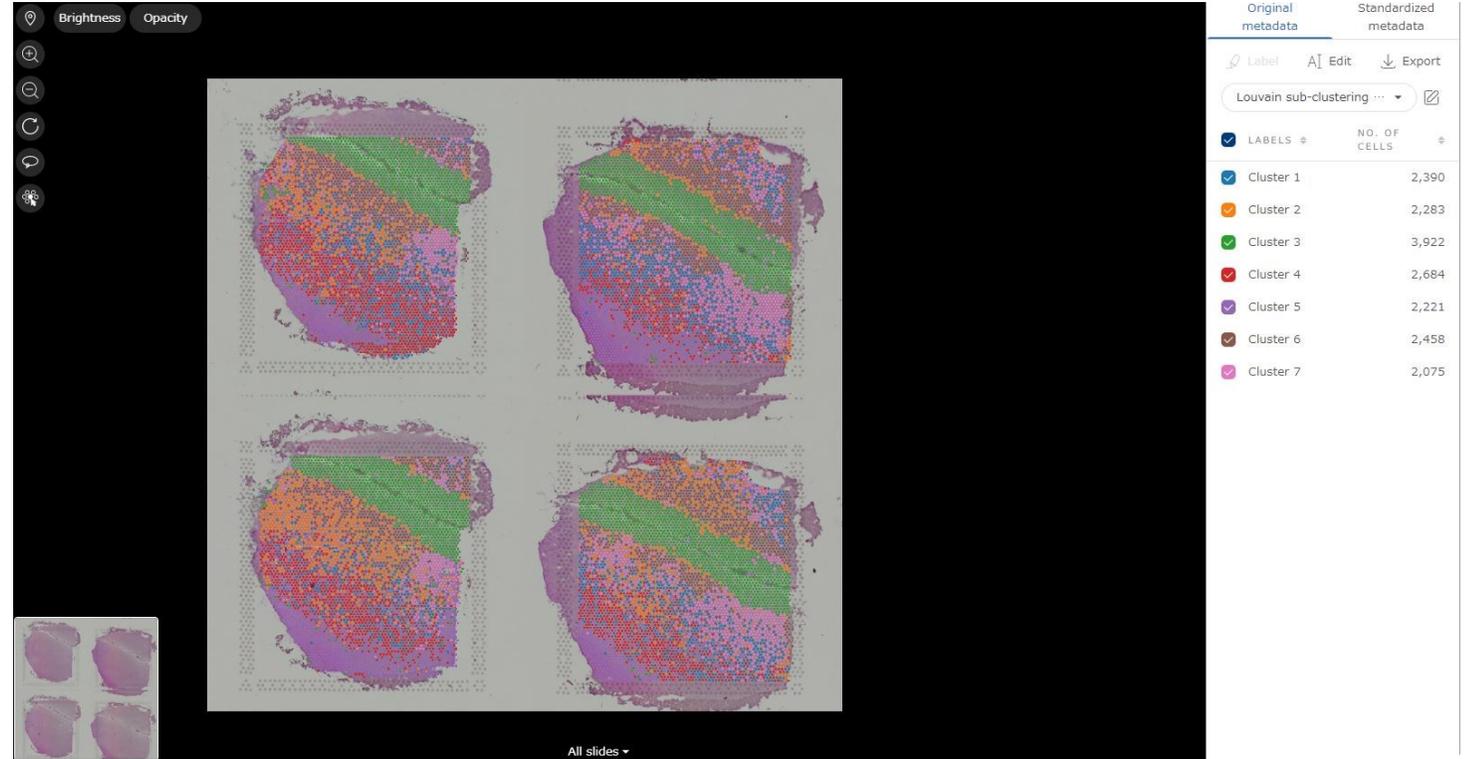
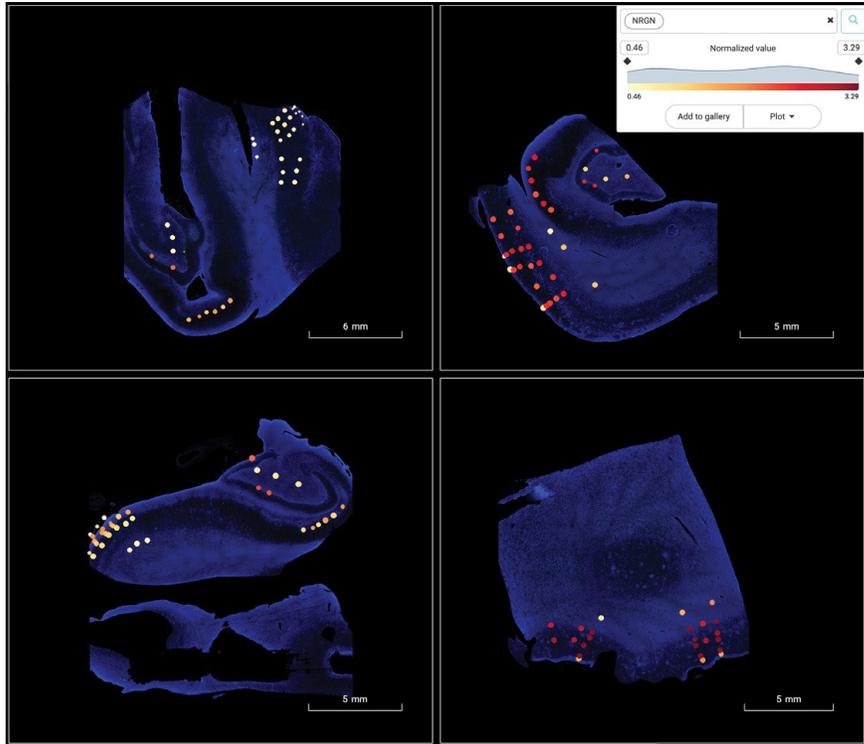
BioTuring Lens Bulk spatial

GeoMX DSP (nanosttring), Visium Spatial (10X Genomicsの空間トランスクリプトームデータに対応します。

**BioTuring Lens**
Single-cell spatial omics analytics platform
[Explore](#)

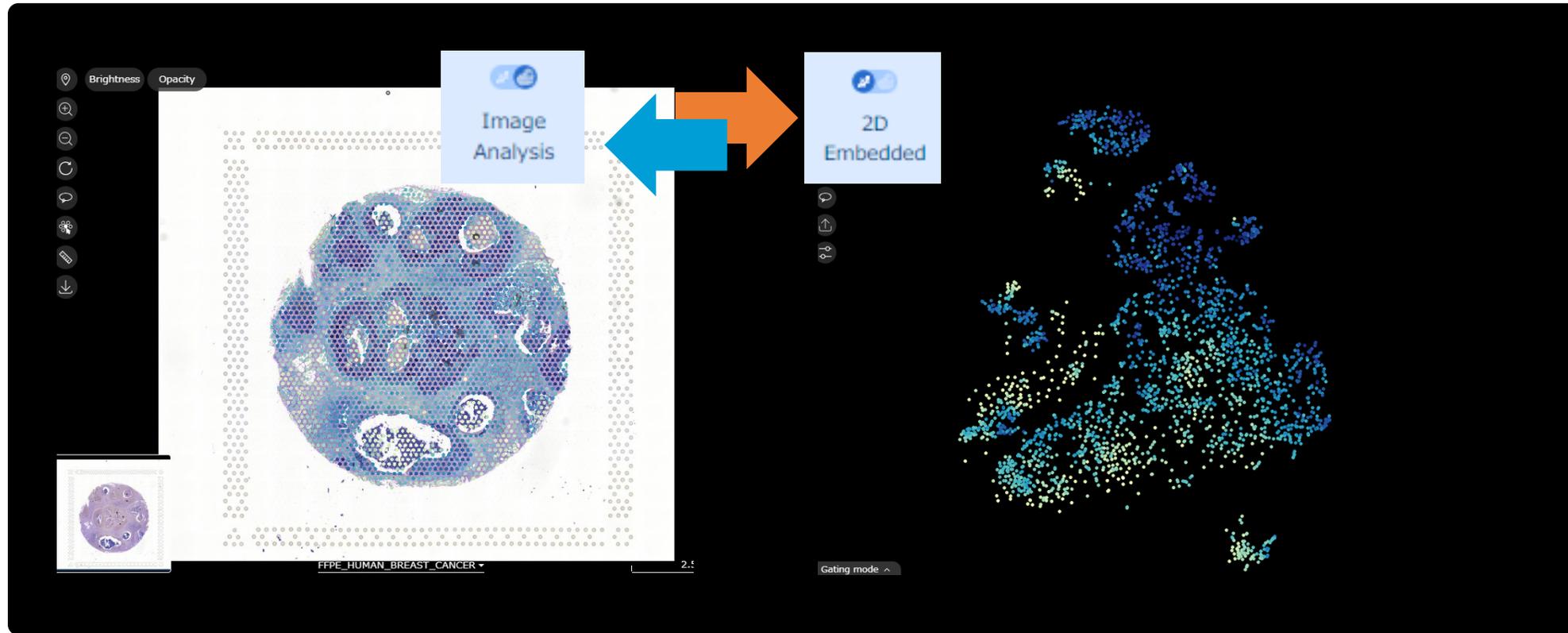
BioTuring Lens Single-cell spatial

Xenium (10X Genomics), CosMx (nanosttring), MERSCOPE (Vizgen)、Akoya Biosciences および t-CyCIF プロテオミクステクノロジーなどの空間オミックスデータに対応します。



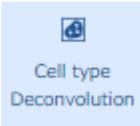
- 複数スライドデータを1か所に

複数の画像を1枚のスライドにまとめて解析することで、サンプル横断的な分析が可能です。
例えば、複数のスライドを並べて Differential expression などの解析を行うことができます。



- 空間パイプラインとシングルセルパイプライン間のシームレスな移行

1クリックで空間イメージ画像と2D Embeddedの切り替えが可能です。
このシームレスな移行により各パイプラインで実行可能な解析を手間なく行うことができます。



BioTuring シングルセルデータベースより作成したモデルを使用したデコンボリューションプロセスでセルタイプのアノテーションを付与できます。

Cell2location を使用して Visium データのセル タイプをデコンボリューションします。

*現在 (23.10) Visium ヒトデータのみサポート

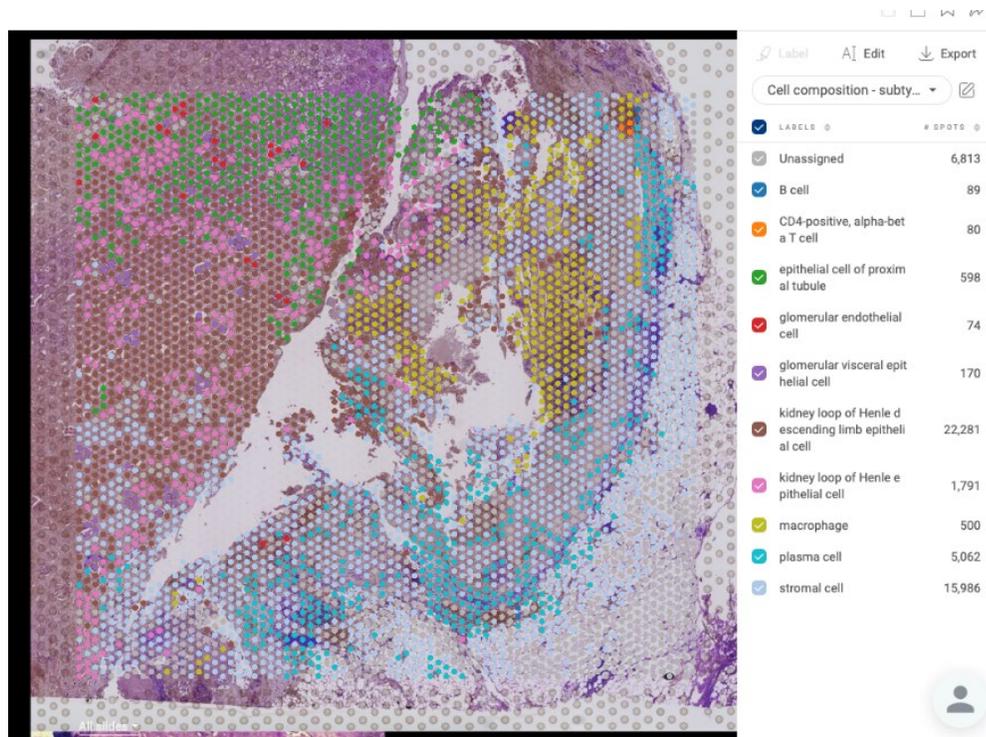
The screenshot shows a web interface for deconvolution. At the top, there is a 'Title' input field. Below it, there are two tabs: 'BioTuring models' (selected) and 'Your models'. A table lists several models for selection, each with a radio button, a name, a description, and a version number. At the bottom, there is a blue button labeled 'GENERATE DECONVOLUTION'.

Name	Version
<input type="radio"/> Liver - Major cell type <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 24 normal liver samples</small>	1
<input type="radio"/> Liver - Cell subtype <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 24 normal liver samples</small>	1
<input type="radio"/> Kidney - Major cell type <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 33 normal kidney samples</small>	1
<input type="radio"/> Kidney - Cell subtype <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 33 normal kidney samples</small>	1
<input type="radio"/> Intestine - Major cell type <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 89 normal intestine samples</small>	1
<input type="radio"/> Intestine - Cell subtype <small>Cell2location model for spatial mapping of cell types from a reference of 89 normal intestine samples</small>	1

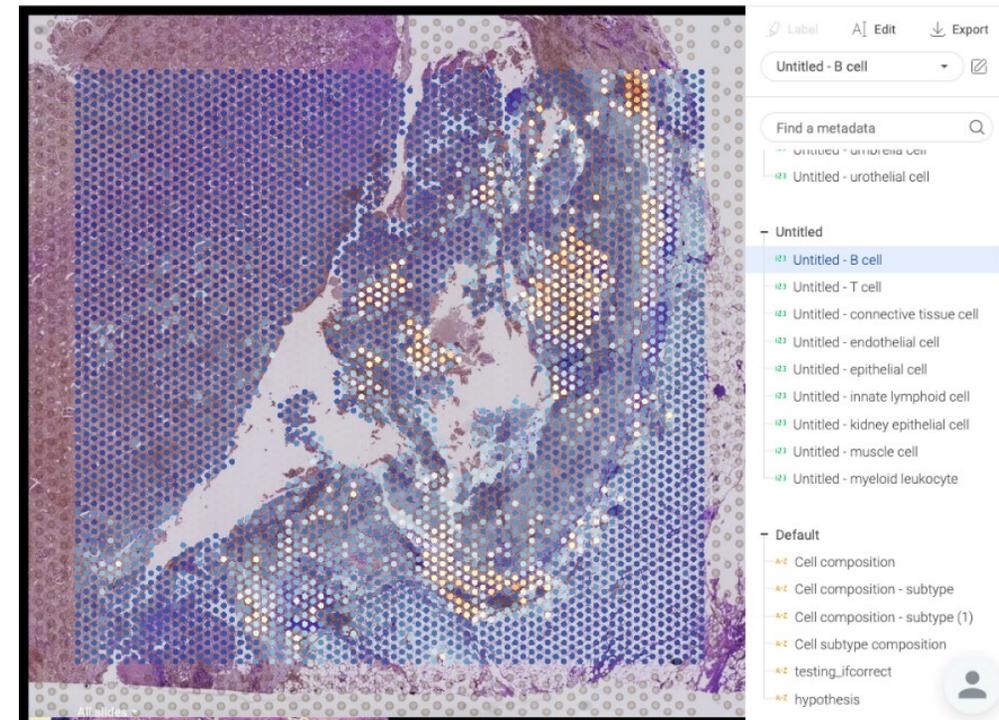
メーカーが作成したモデルの中から選択します。

セルタイプのコンポーネントを選択できます。

メタデータを出力することで下流分析 (DEG、ヒートマップなど)に使用できます。



- セルタイプコンポーネント
アノテーションよりメタデータ作成

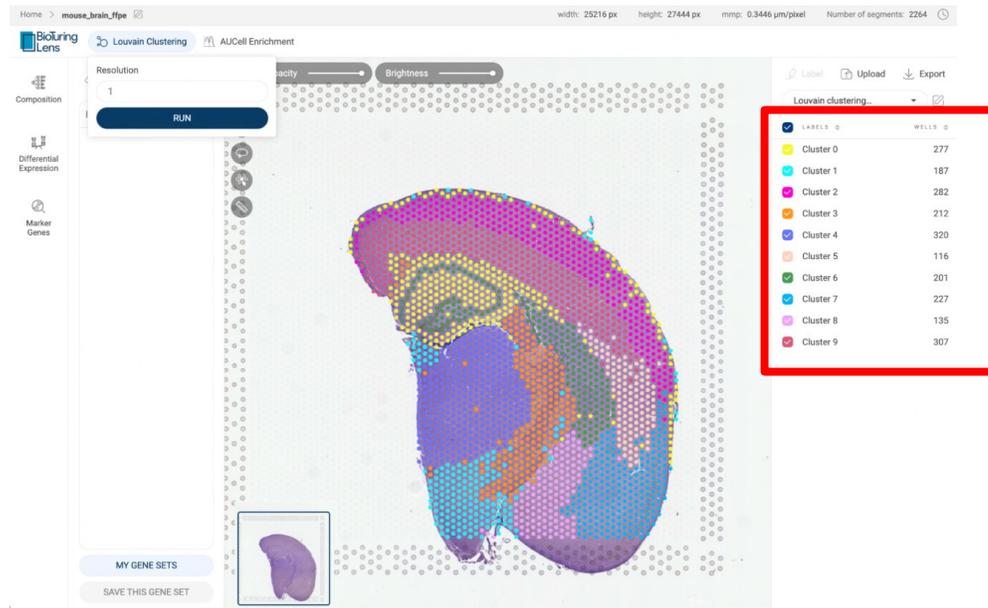


-各セルタイプの細胞存在量

Louvain Clustering

Louvainクラスタリング

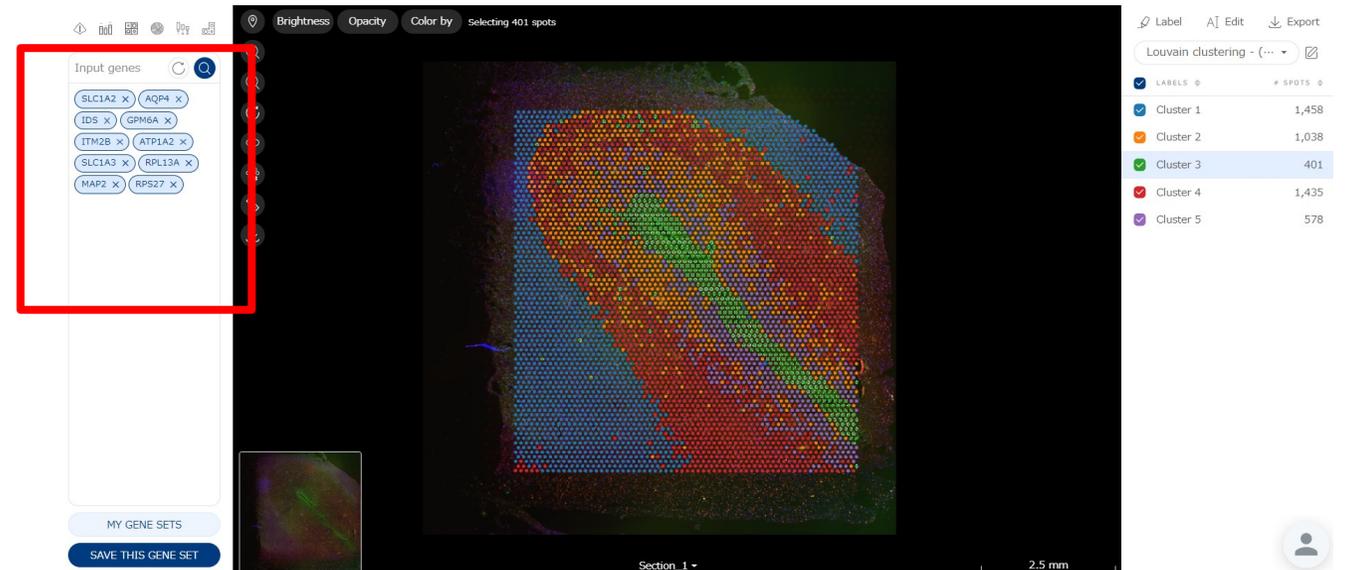
クリック操作だけで細胞/セグメントをクラスタリング。
Resolutionが小さいほど、クラスター数は小さくなります。



Top-expressed Genes

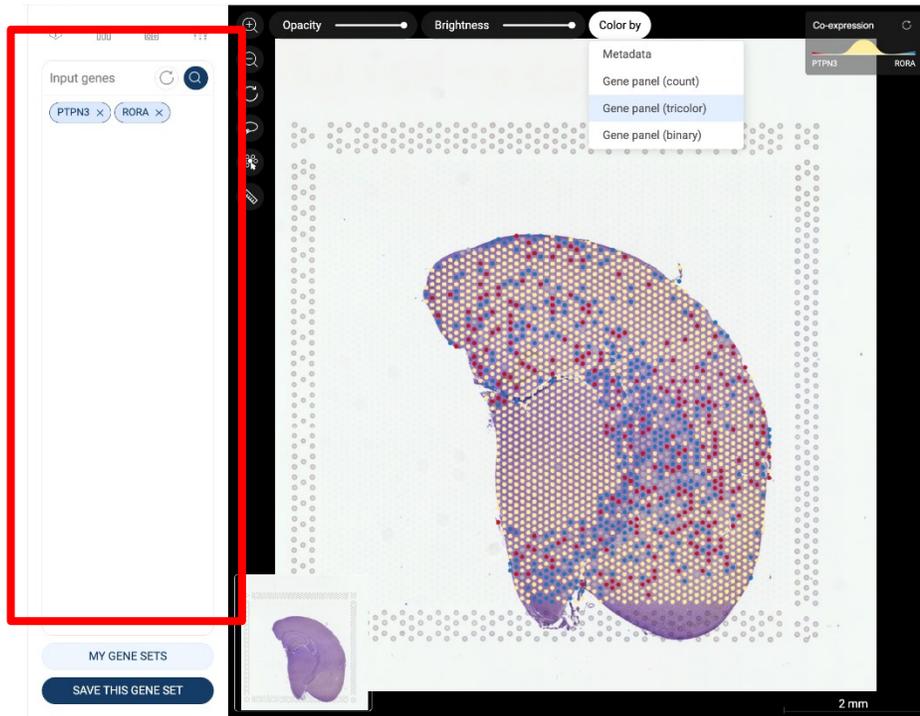
Top-expressed Genes

細胞/セグメント内で最も発現している遺伝子を見つける



Gene query

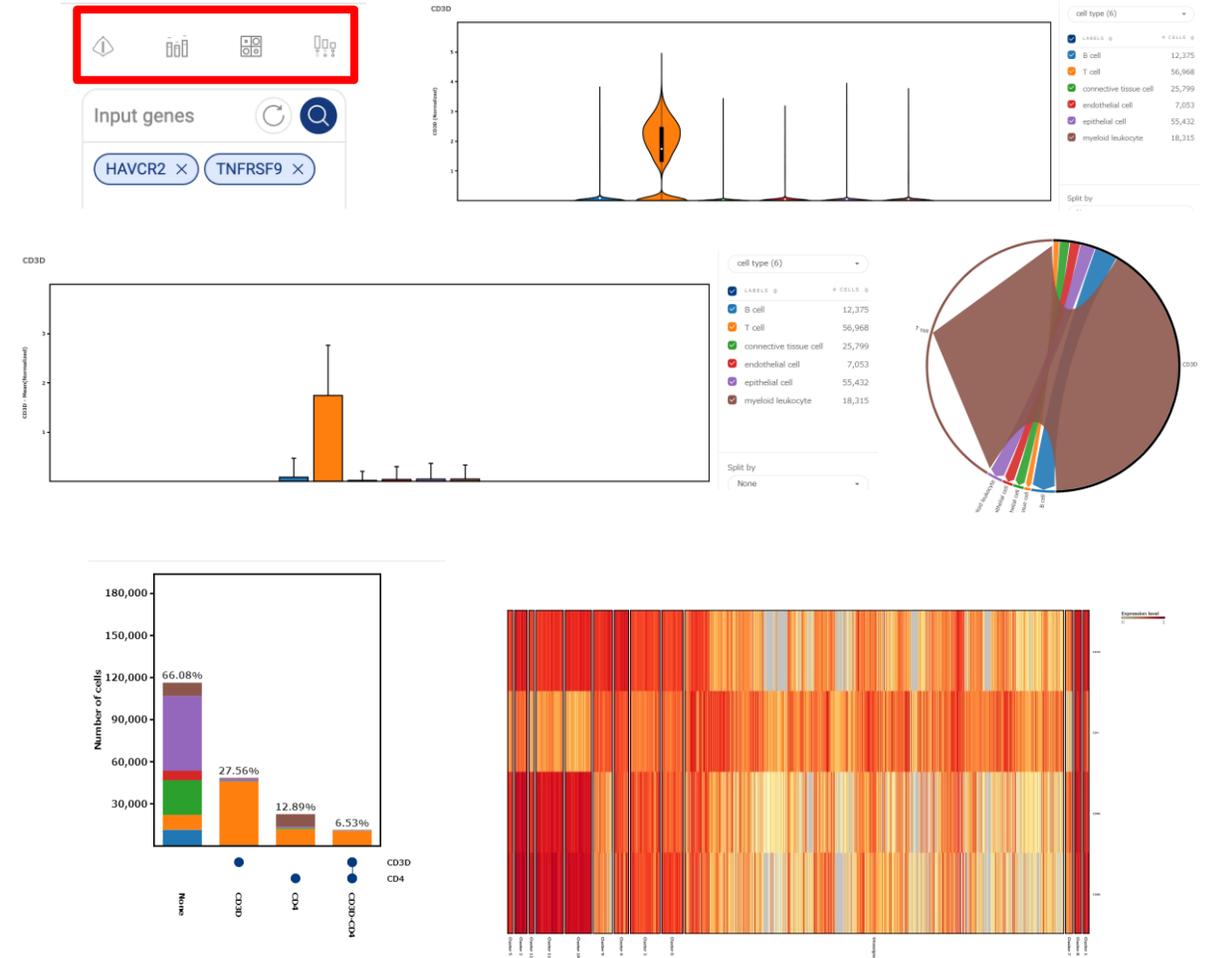
遺伝子がどのように発現しているかを確認するには、遺伝子発現パネルに遺伝子名を入力します。



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

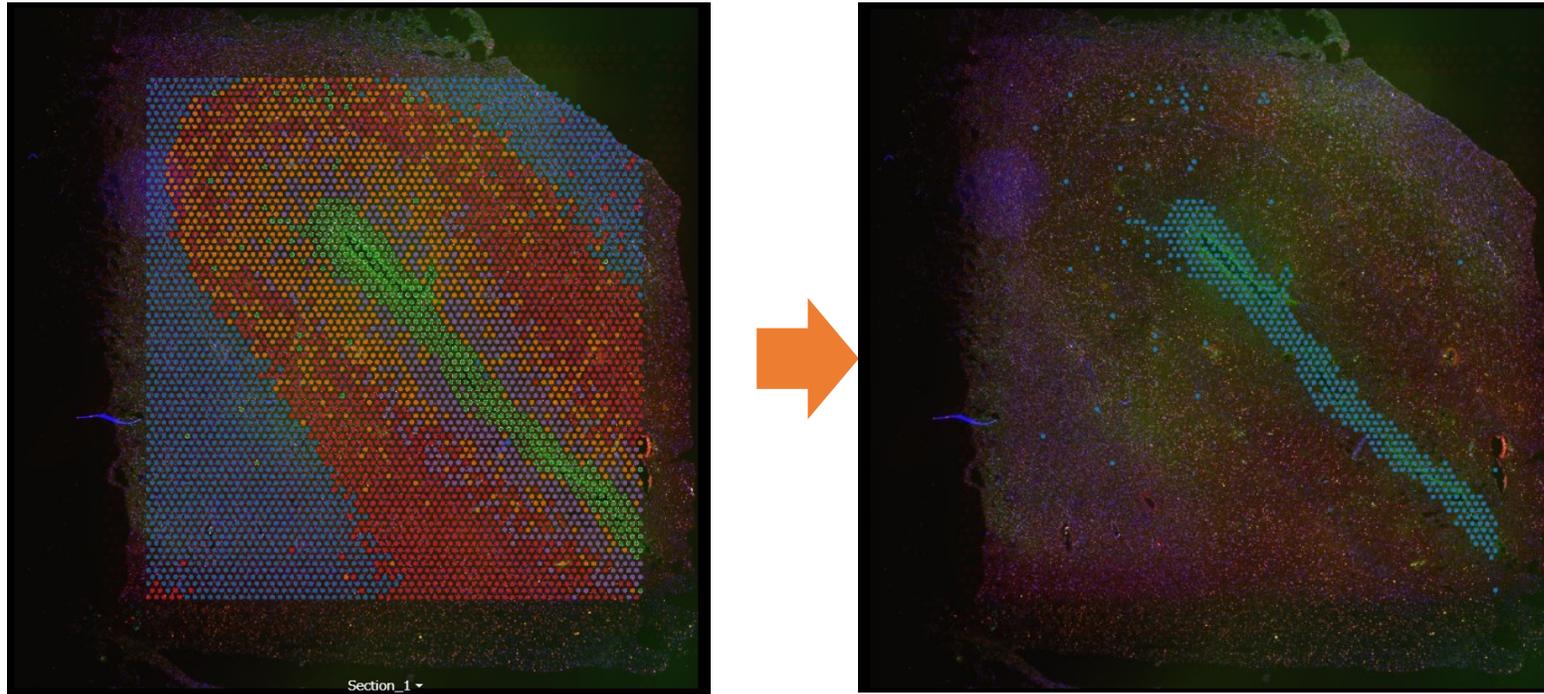
グラフ化

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。

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 RNA sequencing 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 color scale for "Log normalized" expression ranges from 0.4771 (yellow) to 6.9218 (red). A cluster of cells is highlighted in red.
- Metadata panel:** A table showing Louvain clustering results, including cluster labels and the number of cells in each cluster.
- Decision tree:** A tree diagram showing the relationship between genes (IGSF6, LBH, SMCHD1) and the selected group.

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

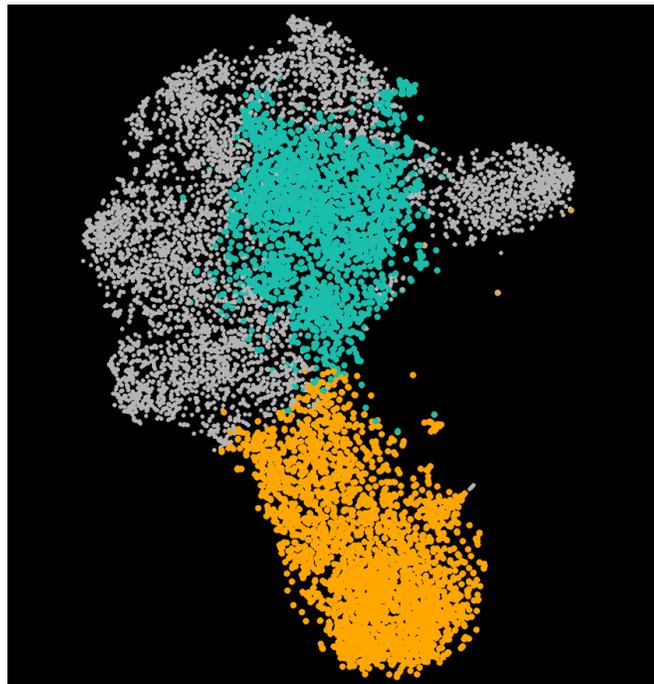
Labels	No. of cells
Cluster 1	252
Cluster 10	2630
Cluster 11	1725
Cluster 12	14
Cluster 13	133
Cluster 14	564
Cluster 15	1267
Cluster 16	234
Cluster 17	668

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



Title: Untitled

First group Second group

Group name: Remaining cells

METADATA LASSO COMPOSITION

Metadata field: Louvain clustering - (res...)

Cluster: Cluster 2

Method: Venice

RUN

投げ縄ツールで手動で範囲を指定

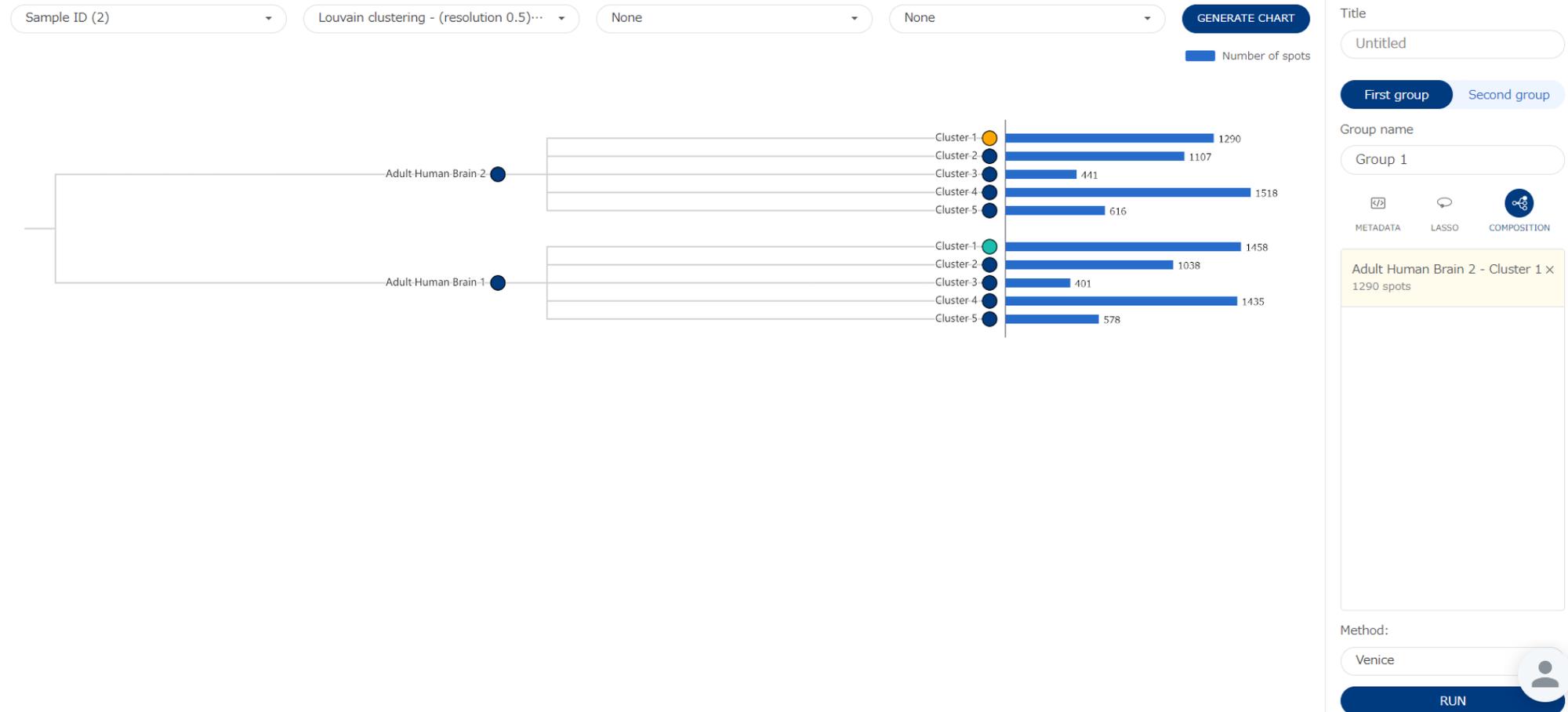


特定の2つのクラスターを比較する

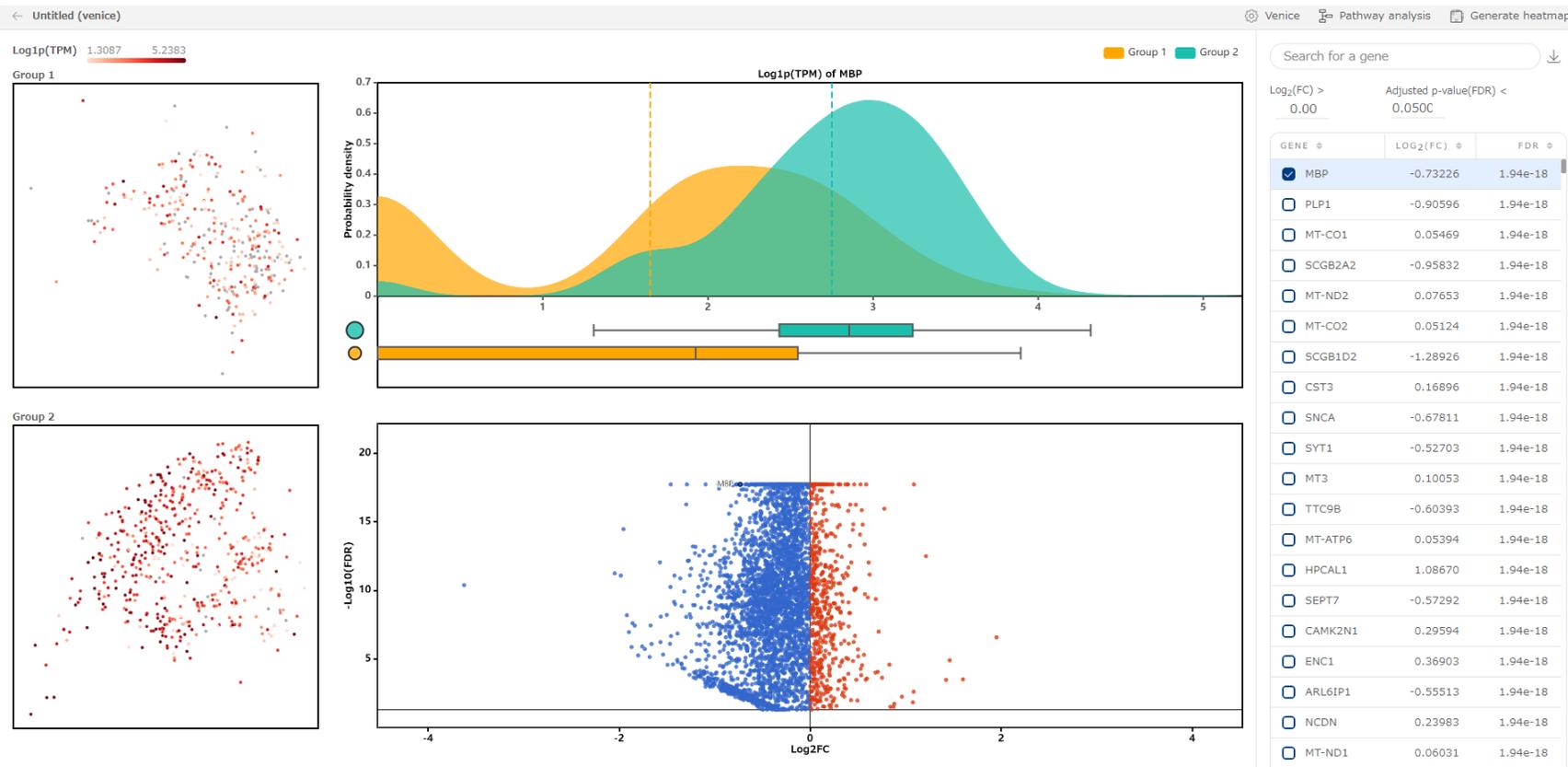
Compositionチャートを使用

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。

以下の例では各スライドのクラスタリング結果を表し、サンプルAのクラスター1とサンプルBのクラスター1をクリック作業で指定して比較が可能。

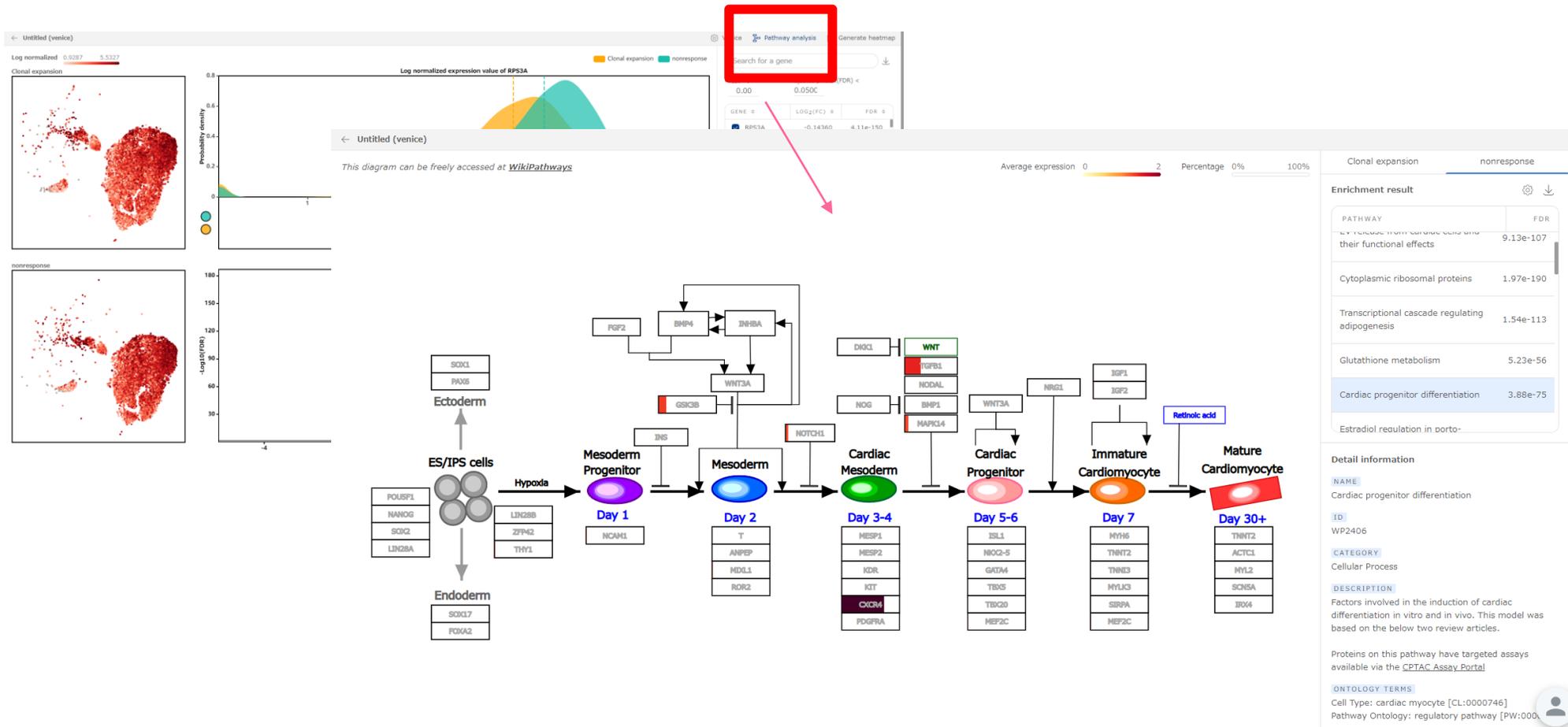


特定の2つのクラスターを比較する



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

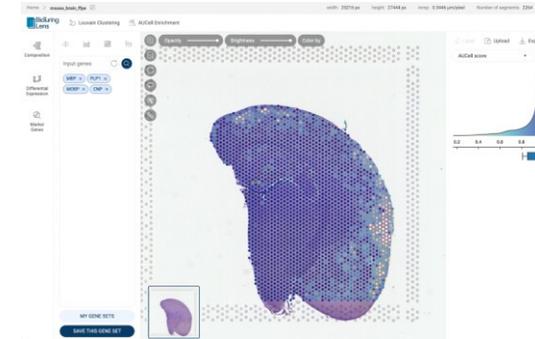
DGE の結果からパスウェイ解析の結果にアクセスできます。



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。

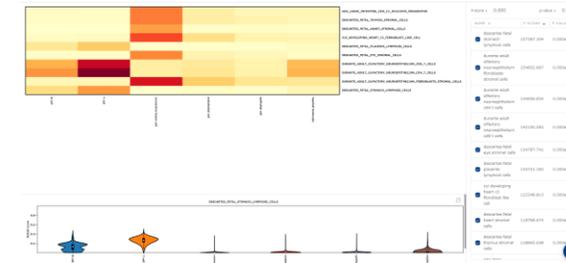
AUCell enrichment

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。



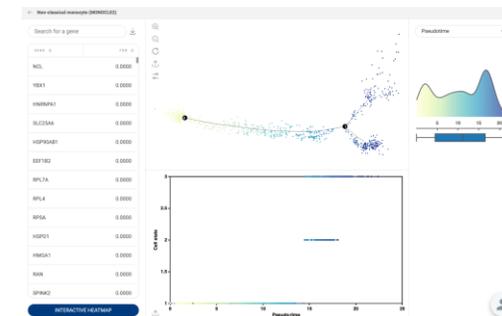
エンリッチメント解析

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