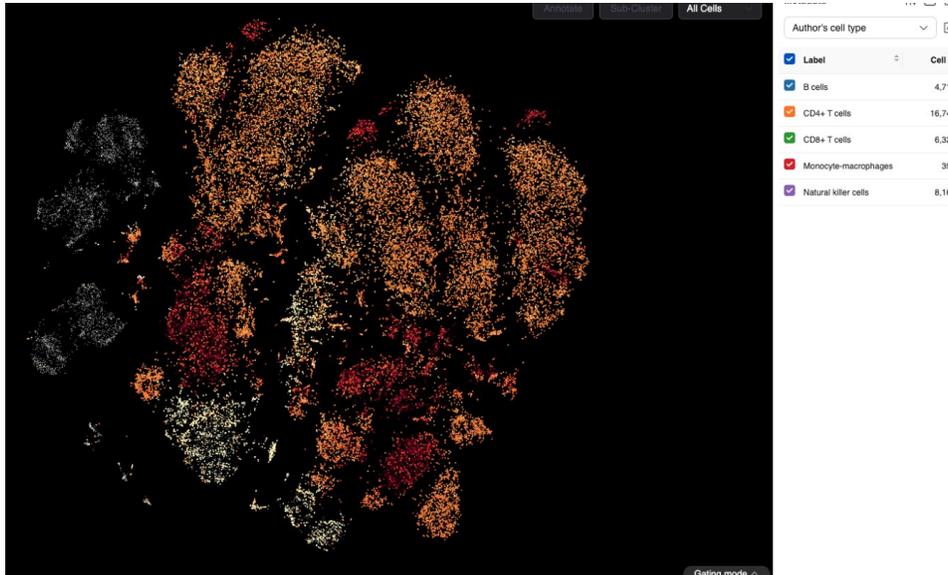




シングルセルRNA-seq・空間オミックスデータを用いた 細胞間コミュニケーション解析入門



シングルセルRNA-seq

- 一つひとつの細胞がどの遺伝子をどれくらい使っているかを調べます。

10x Genomics Chromium, BD Rhapsody



空間トランスクリプトーム

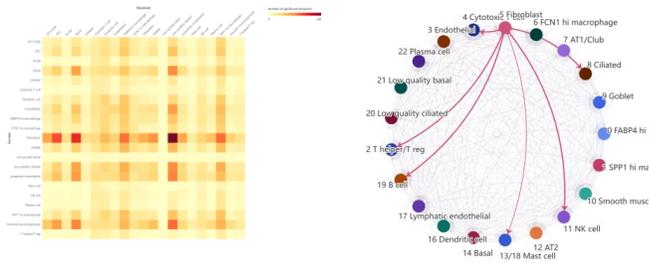
- 組織の切片をそのまま使い、位置情報を保った状態で遺伝子発現を調べます。

Visium, Xenium, CosMx, MERSCOPE, Takara Trekker

正規化、UMAP、クラスタリング、DEG解析などの
基本的なデータ解析フローは共通している。

何ができるか：
細胞種集団間（細胞種 A → 細胞種 B）の相互作用の推定

相互作用の全体像

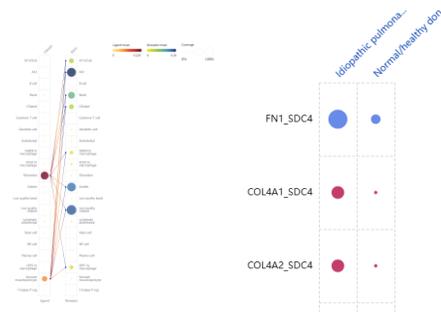


論文中では、ヒートマップやネットワークプロットとして記載されることが多いです。

- 細胞種群間の相互作用の数や強度を視覚化

✓ どの細胞が「主な送信者」で「主な受信者」かを判定

送受信の役割特定



相互作用プロットなどから、各細胞種におけるリガンドとレセプター状態を視覚化します。

- 特定のリガンド-受容体ペアごとの通信強度を表示

✓ 送信側と受信側の細胞ペアにおいて、その相互作用がどれだけの頻度で見られたか

条件間比較



解析時に条件ごと細胞を分けてに計算を行い、両者の相互作用の違いを比較します。

- 条件（がん vs 健康など）で相互作用の違いがみられるか比較

✓ 細胞間ペアごとの重要な相互作用を特定

なぜできるか：
相互作用推定の核心メカニズム



相互作用強度の算出

質量作用の法則モデルを採用。リガンドと受容体の平均発現量から確率を推定。上下5%を除外するTrimean計算法により、外れ値のノイズを抑制した頑健な強度算出を実現します。



リガンド-受容体相互作用データベース

論文精査により構築。単純なペア結合だけでなく、補助因子（Cofactor）や共刺激・抑制分子の影響を考慮した、生物学的に高度な通信モデルを提供します。

BBrowserX Pro



シングルセルRNA-seq解析ソフトウェア

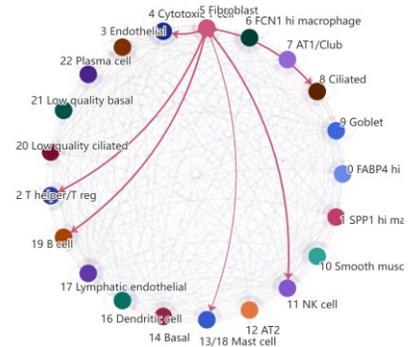
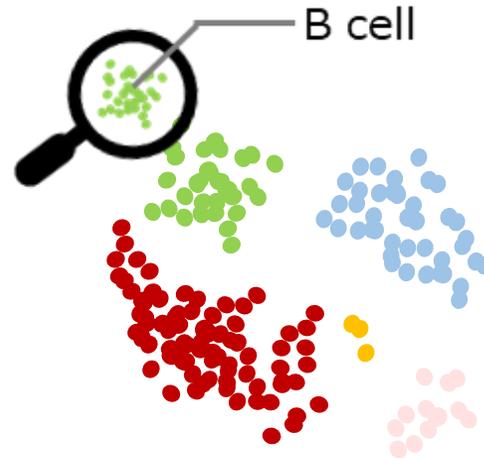
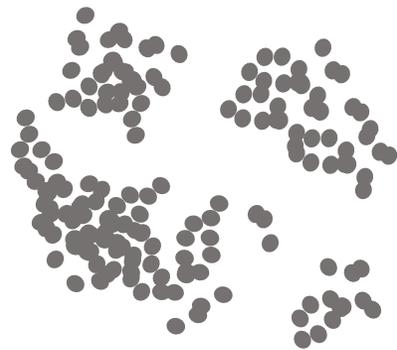
細胞種アノテーションやDEG、擬似時系列解析、細胞間コミュニケーション解析など多彩な解析をどなたでも簡単に解析

SpatialX



空間オミックス解析ソフトウェア

細胞種アノテーションやDEG、細胞間コミュニケーション解析の他、扱いが難しい画像データを含む空間オミックスデータをどなたでも簡単に解析



QC・正規化・次元削減プロット



クラスタリング・細胞種アノテーション



細胞間コミュニケーション解析

データのインポートだけでソフトウェアが自動的に計算します。

ソフトウェアに搭載された、自動細胞種アノテーション予測機能など優れたツールが多く搭載されています。

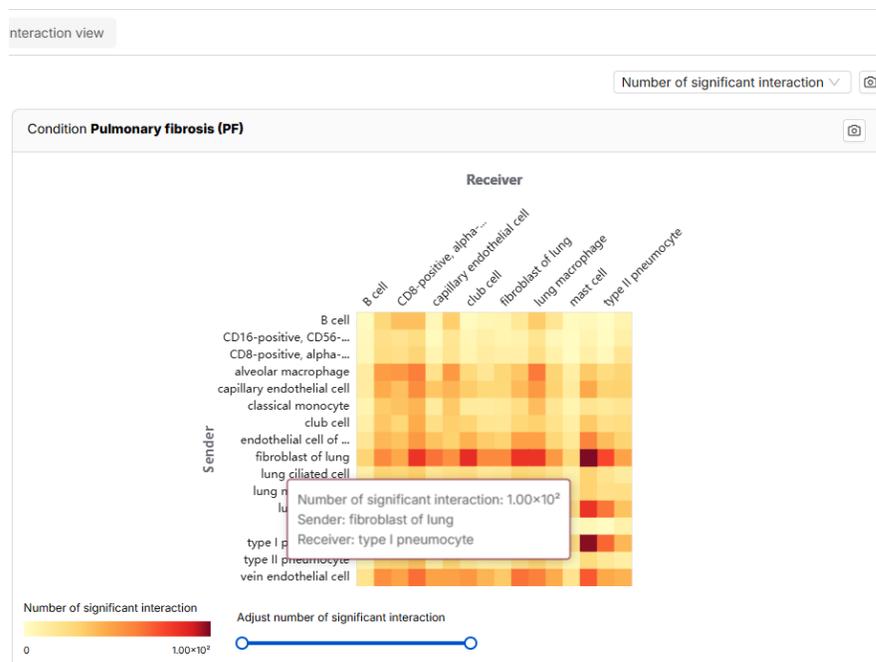
最小限の設定項目で簡単に解析し結果を解釈することができます。



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。

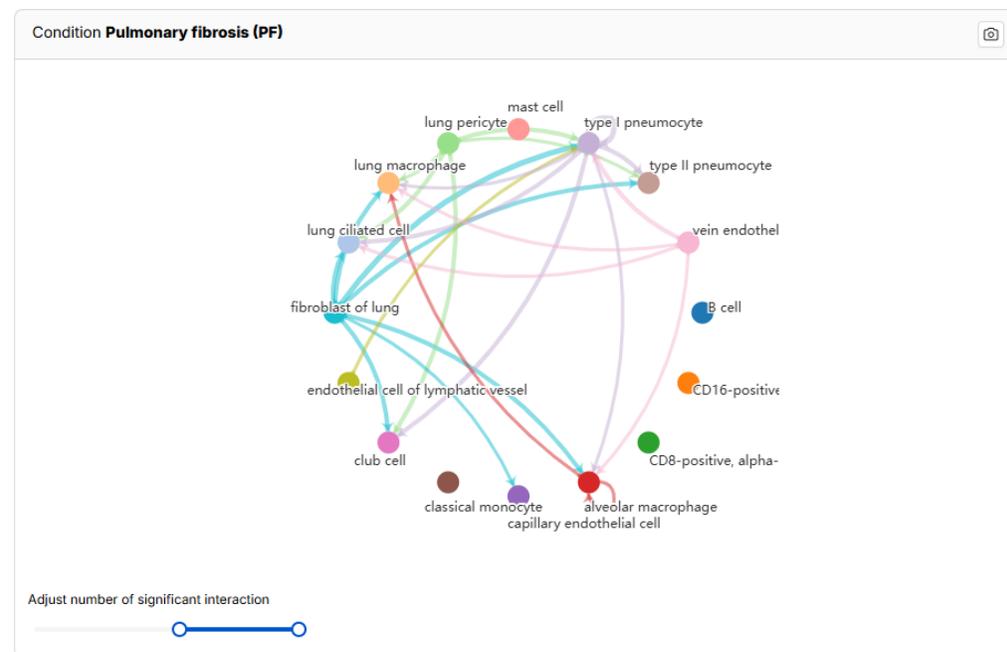
重要な細胞種アノテーションステップを慎重に進めることが可能

以下は細胞種群間の相互作用の数や強度を視覚化したもの。
用途や好みに合わせて図をもとに解釈します。



ヒートマップ

左側はシグナルを送信する（リガンドを発現する）細胞種。
上側はシグナルを受信する（受容体を発現する）細胞種。
相互作用数が多い細胞種ペアは、全体の細胞間コミュニケーションネットワークに強く関与していることを示します。最大スコアが高い細胞種ペアは、そのリガンド-受容体相互作用が実際に起きている確率が高いことを示します。

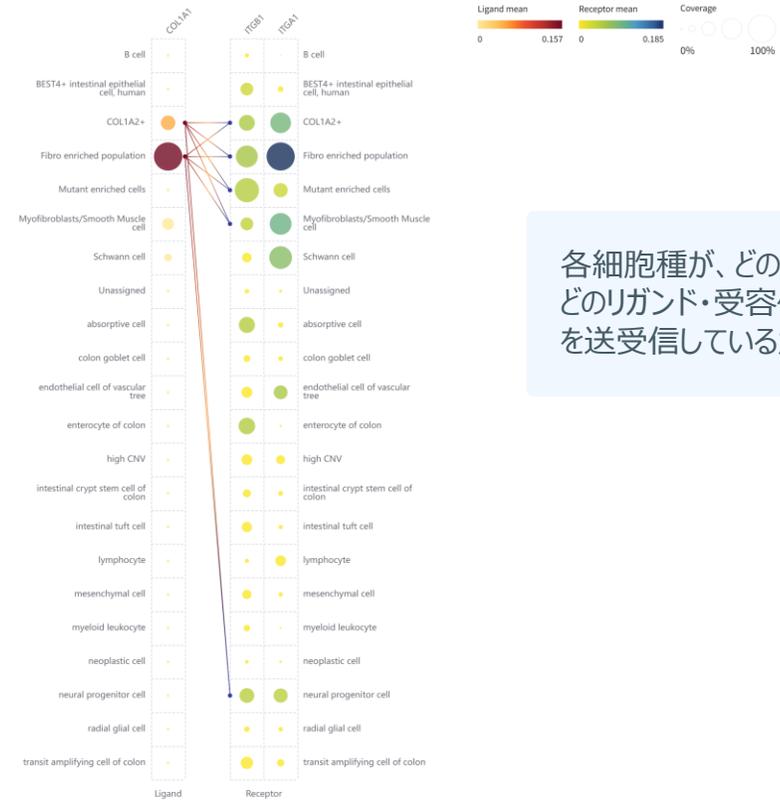
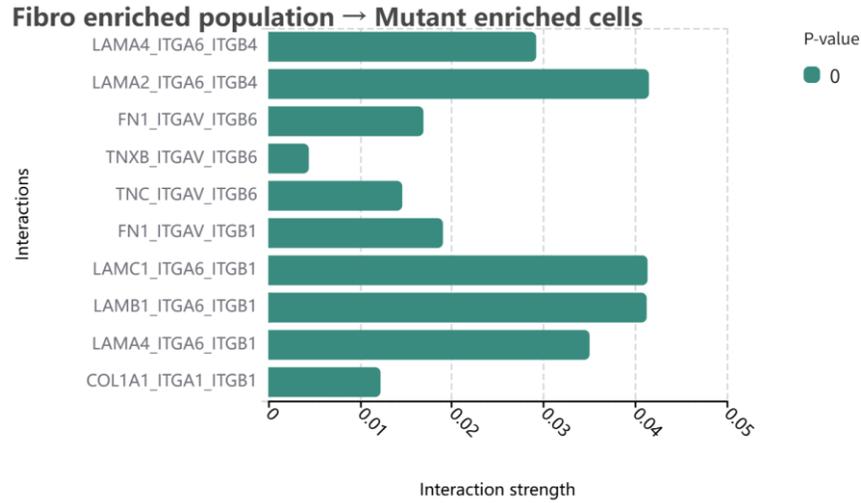


ネットワーク ダイアグラム

各ノードは1つの細胞種を表します。ノードにカーソルを合わせると、他の細胞種とのコミュニケーションを確認できます。有意な相互作用数が多い細胞種は、細胞間コミュニケーションネットワークにおいて重要な役割を担っている可能性があります。最大スコアが高い場合、そのリガンド-受容体相互作用が実際に起きている確率が高いことを示します。

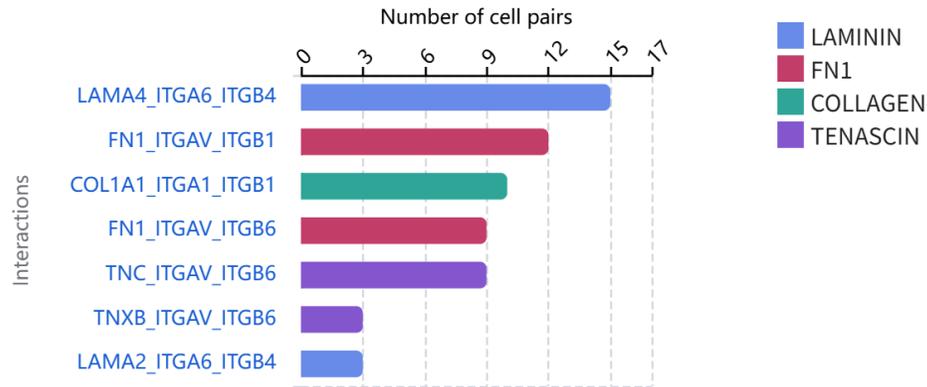
結果の解釈

ヒートマップやネットワーク ダイアグラムから関心のある細胞種ペアをクリックするとその相互作用の詳細な情報が得られます。



各細胞種が、どの細胞に対して、どのリガンド・受容体を介して情報を送受信しているかを示しています。

リガンドと受容体の遺伝子名を含む、リガンド-受容体相互作用ペアの情報と強度。

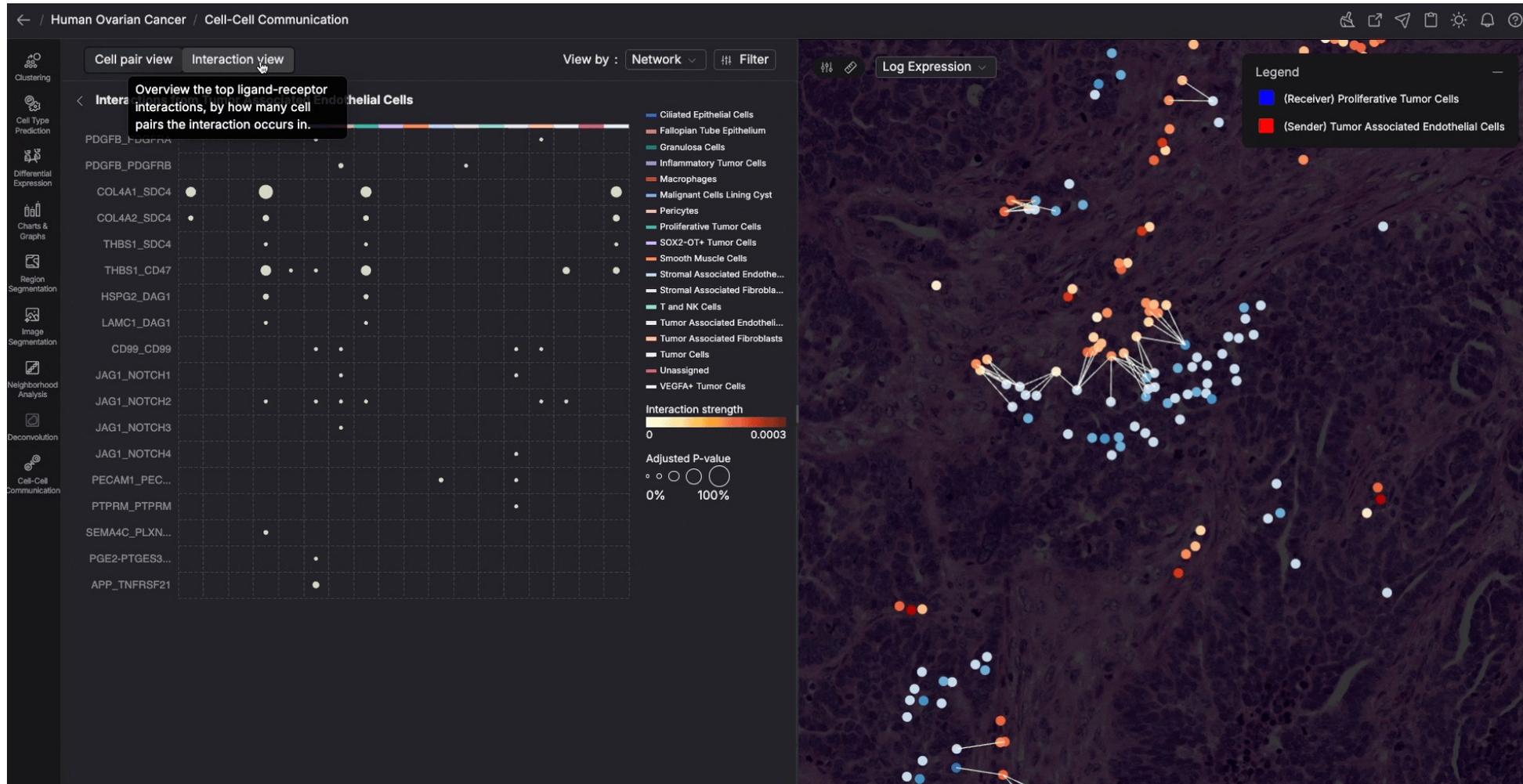


リガンド-受容体相互作用の細胞ペア数とCellChatDB によってアノテーションされた、相互作用に対応するシグナル伝達経路

多くの細胞ペアで見られるリガンド-受容体相互作用は、全体の細胞間コミュニケーションネットワークに最も大きく寄与している可能性があります。一方で、少数の細胞ペアでしか見られない相互作用であっても、シグナル伝達経路における特異的な機能を示唆する可能性があるため、重要な情報となります。

結果の解釈

空間オミックスデータの場合は画像上にリガンド-受容体相互作用を表示することができます。





簡単に解析ができます。

細胞間コミュニケーション解析については、細胞種のメタデータを選択するだけで簡単に解析できます。
細胞種のメタデータについてもデータの最小限の工程と、慎重に細胞種アノテーションを行うことで精度を上げることができます。



解釈のための多彩な図

数回のクリック操作で解釈に役立つ図表を作成できます。



高性能なPCなしで解析

解析やデータの保存はメーカーのクラウド上で高速計算されます。

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: support@filgen.jp