



公開シングルセルデータ・空間オミックスデータセットの インタラクティブな探索

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



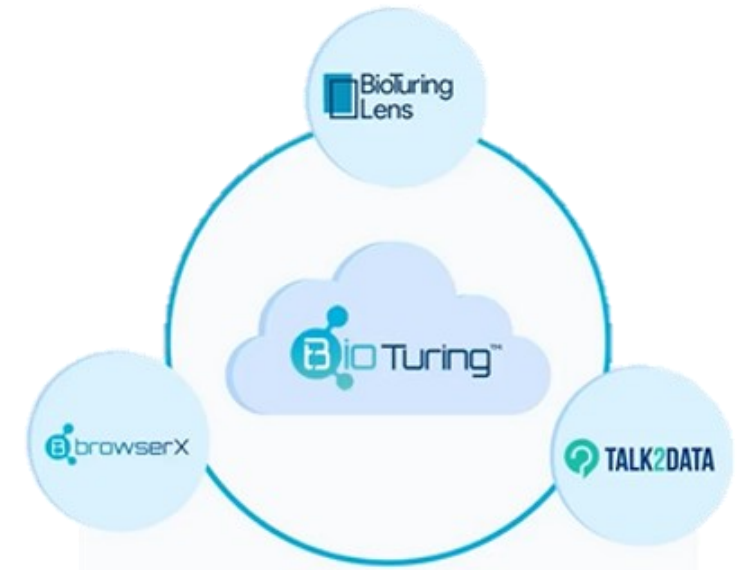
- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析



- 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



【シングルセル研究パブリックデータの閲覧・再解析】



- メーカーの収集したシングルセル研究データセットを使用した再解析
- 著者の論文をもとにすでにアノテーション付けされているのでスムーズに解析に移行できる

【遺伝子およびセルタイプの検索】



- メーカーのデータベース全体にわたるリアルタイムの遺伝子クエリ、共発現解析、およびセルタイプ特異的遺伝子マーカーに関する情報を閲覧できる
- シングルセルRNA-seq情報の辞書引きのような機能

いろいろなタイプデータを閲覧できます。

シングルセルRNA-Seq
パブリックデータ

Xenium、CosMx、MERSCOPEの
パブリックデータ

The screenshot displays the TALK2DATA web interface. At the top, a navigation bar includes a species dropdown menu currently set to 'Human', a series of buttons for data types ('Single-cell RNA sequencing', 'Bulk spatial transcriptomics', 'Single-cell spatial transcriptomics', 'Spatial proteomics' with a 'new' tag, and 'Others'), and links for 'Your libraries', settings, and user profile. Below the navigation bar, a diagram illustrates the data types: 'Single-cell RNA sequencing' is linked to 'シングルセルRNA-Seq パブリックデータ' (indicated by a blue arrow); 'Bulk spatial transcriptomics' is linked to 'VisiumやDSPのパブリックデータ' (indicated by a pink arrow); 'Single-cell spatial transcriptomics' is linked to 'Xenium、CosMx、MERSCOPEのパブリックデータ' (indicated by a green arrow); and 'Spatial proteomics' is linked to 'Akoya Biosciences および t-Cycifなどのパブリックデータ' (indicated by a blue arrow). A grey arrow points from the 'Human' dropdown to the text '生物種の指定 (ヒト・マウス)'. At the bottom, the TALK2DATA logo is centered, and a search bar contains tabs for 'Genes', 'Cell types', and 'Studies', with a search input field showing 'Example: CD3D' and a search icon.

Human ▾ Single-cell RNA sequencing Bulk spatial transcriptomics Single-cell spatial transcriptomics Spatial proteomics^{new} Others ▾ Your libraries ⚙️ 👤

生物種の指定
(ヒト・マウス)

VisiumやDSPの
パブリックデータ

Akoya Biosciences および t-Cycifなどの
パブリックデータ

TALK2DATA

Genes Cell types Studies Example: CD3D 🔍

Studies

をクリックするとパブリックデータの一覧が表示されます。

Pan-cancer single-cell landscape of tumor-infiltrating T cells (CD8 T cell)

EXPLORE

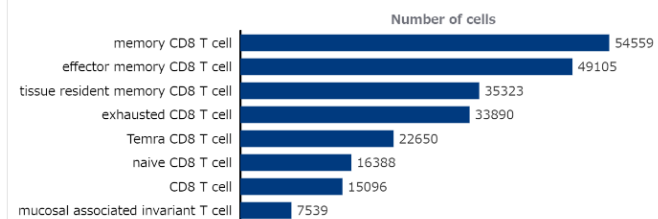
ID: GSE156728_CD8 Total cells: 234,550 Total subjects: 301 Rerefence: ↗

Abstract

The tumor microenvironment contains many different kinds of immune cells, the composition, function, and roles of which are unclear. Using single-cell RNA sequencing of T cells in 21 cancer types from more than 300 patients, Zheng et al. identified differences in transcript composition that could be used to catalog different T cell types (see the Perspective by van der Leun and Schumacher). These annotations identified the different roles of specific types of CD4+ and CD8+ T cells among the different tumor types. Some of these clusters revealed evidence for two developmental paths for T cells, one of which shows a trajectory toward the “exhausted” T cell state, knowledge of which may be useful in developing future cancer immunotherapies.

Metadata overview

Author's cell type (8)



Dimensionality reduction



Single cell analysis of the developing mouse kidney provides deeper insight into marker gene expression and ligand-receptor crosstalk

EXPLORE

ID: GSE108291 Total cells: 8,425 Rerefence: ↗

Abstract

Recent advances in the generation of kidney organoids and the culture of primary nephron progenitors from mouse and human have been based on knowledge of the molecular basis of kidney development in mice. Although gene expression during kidney development has been intensely investigated, single cell profiling provides new opportunities to further subsect component cell types and the signalling networks at play. Here, we describe the generation and analysis of 6732 single cell transcriptomes from the fetal mouse kidney [embryonic day (E)18.5] and 7853 sorted nephron progenitor cells (E14.5). These datasets provide improved resolution of cell types and specific markers, including subdivision of the renal stroma and heterogeneity within the nephron progenitor population. Ligand-receptor interaction and

Metadata overview

Author's cell type (7)

Number of cells

Dimensionality reduction



検索窓にキーワードを入れるほか、様々な絞込に対応します。



Tissue
type of tissue or organ from which a sample is collected

Condition
medical condition of a donor

Sampling site
where a sample is collected from a subject

Cell type
authors' annotation about different cell types in a sample

Cancer cell
malignant cells identified from a cancerous sample

Treatment
type of therapy applied to a subject

☐ **secretory cell**

☐ secretory cell
341,710 cell - 63 studies

☐ pancreatic D cell
4,488 cell - 14 studies

☐ type B pancreatic cell
52,639 cell - 19 studies

☐ paneth cell
4,001 cell - 5 studies

☐ exocrine cell
5,570 cell - 3 studies

☐ peptic cell
5,195 cell - 3 studies

☐ granulosa cell
6,958 cell - 3 studies

☐ serous secreting cell
7,068 cell - 6 studies

☐ pancreatic ductal cell
79,116 cell - 22 studies

☐ enteroendocrine cell
12,284 cell - 21 studies

☐ pancreatic epsilon cell
271 cell - 7 studies

☐ cortical cell of adrenal gland
411,113 cell - 7 studies

☐ chondrocyte
104,663 cell - 11 studies

カテゴリーでは、特定セルタイプやCondition、Tissue、解析プラットフォームなどからパブリックデータを絞り込むことができます。

The screenshot shows the 'Expression profile' tab of the Filgen interface. The main search area has three input fields for gene expression, each with a 'CD3D x' tag and an 'Input genes' placeholder. The first two fields are separated by 'And' connectors. Below the inputs, a note states: '* You can click on a gene tag to turn it to negative condition and vice versa'. At the bottom, the 'EXPRESS' section shows the resulting query: '(CD3D) and (CD3E)'. A 'Match operation' section at the very bottom indicates 'Contain at least one of the selected labels for each categories'.

Two callout boxes illustrate logical operations:

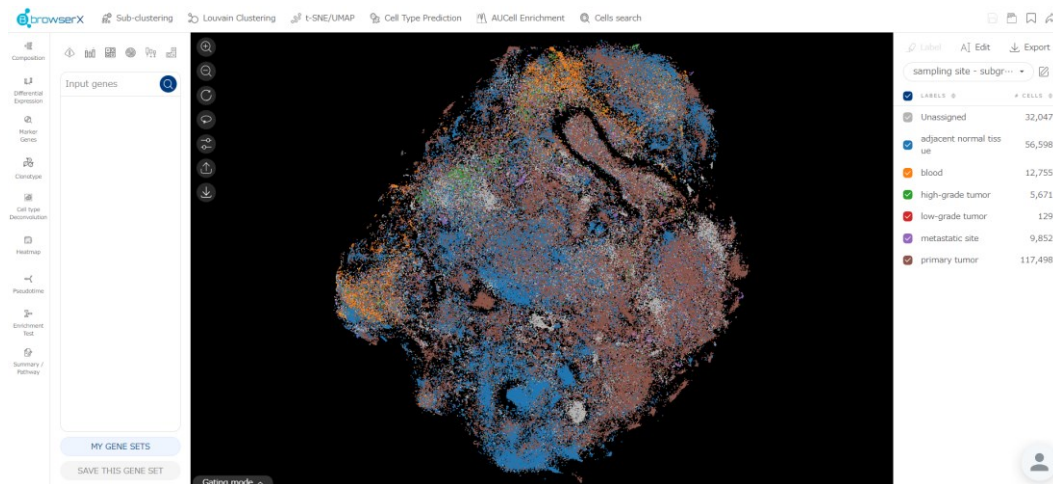
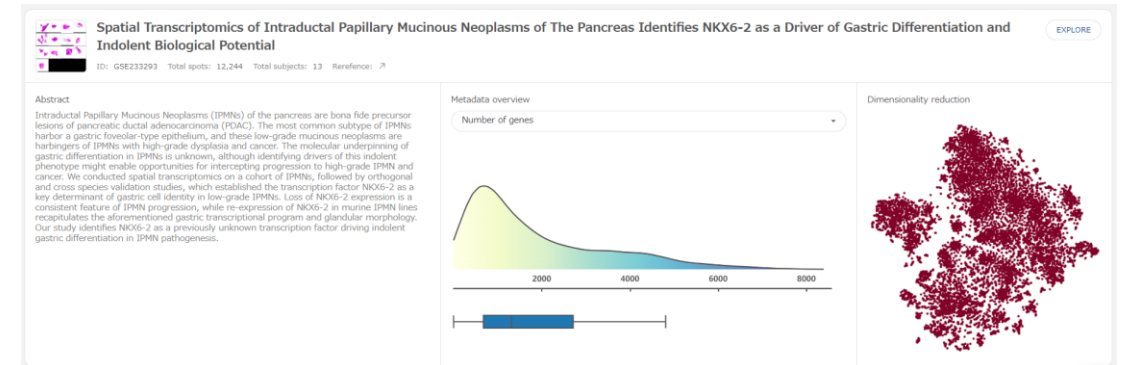
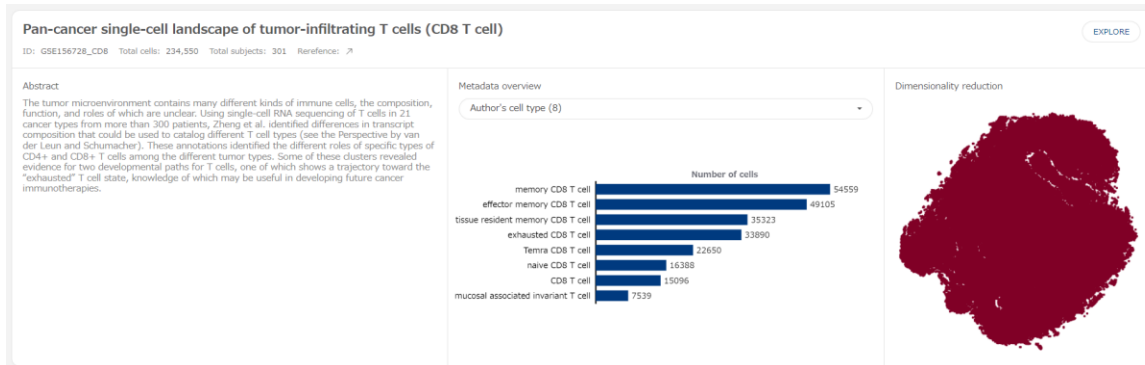
- Left Callout:** Shows a query where 'CD3D x' and 'CD3E x' are connected by an 'or' operator. The resulting 'EXPRESS' query is '(CD3D) or (CD3E)'.
- Right Callout:** Shows a query where 'CD3D x' is connected to 'not CD3E x' by an 'And' operator. The resulting 'EXPRESS' query is '(CD3D) and (not CD3E)'.

Expression profileでは、遺伝子発現によるフィルターを使用してパブリックデータを絞り込むことができます。遺伝子AとBが発現、遺伝子AまたはBが発現、遺伝子Aは発現Bは発現しないなど柔軟な絞込に対応します。

シングルセル研究パブリックデータの閲覧・再解析

EXPLORE

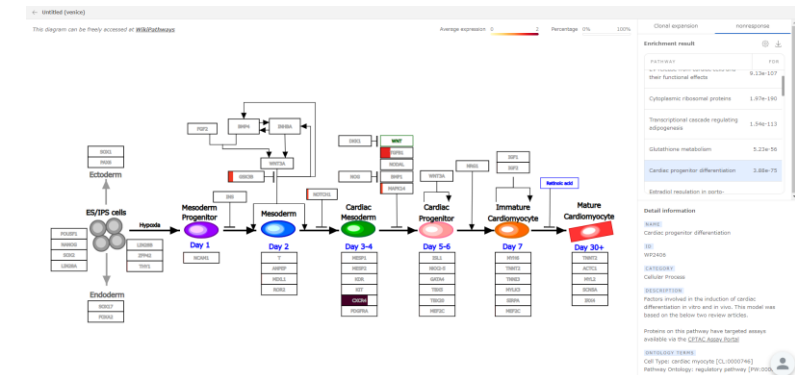
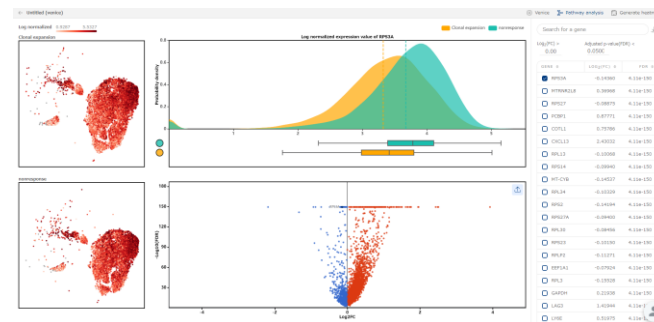
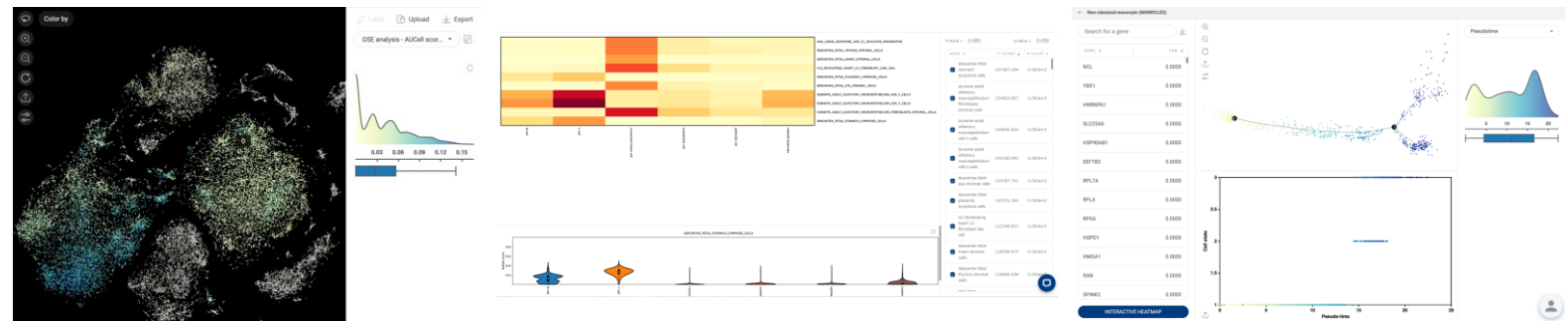
をクリックするとパブリックデータにアクセスします。
アクセスするとBBrowserXまたはBioTuring Lensに直接アクセスし各種解析ができます。



シングルセル研究パブリックデータの閲覧・再解析

各種パブリックデータには著者の論文を元にメーカー側でアノテーションを付与しているため、すぐに下流分析に移行できます。

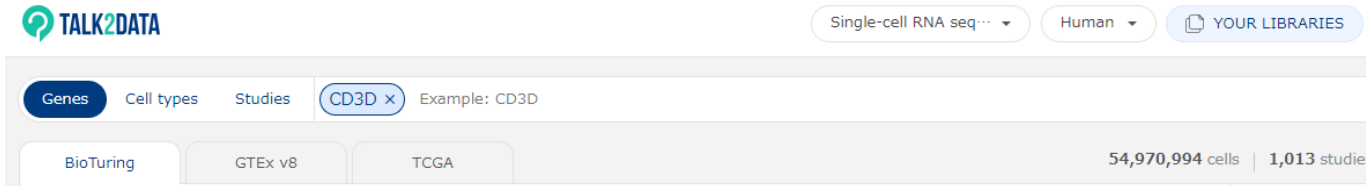
- Authors' metadata
 - Age (years)
 - Author's cell type
 - Bmi
 - Cancer type
 - Clinical stage
 - Cluster
 - Cluster coarse
 - Cluster id (harmonized)
 - Data source
 - Dataset id
 - Developmental stage
 - Gender
 - Louvain clustering
- Number of genes
- Number of mRNA transcripts
- Percentage of mitochondri...
- Phase
- Ptnm
- Quantification



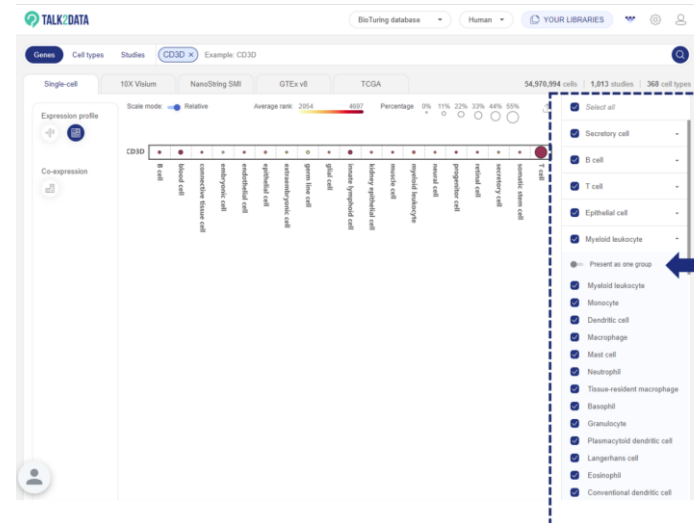
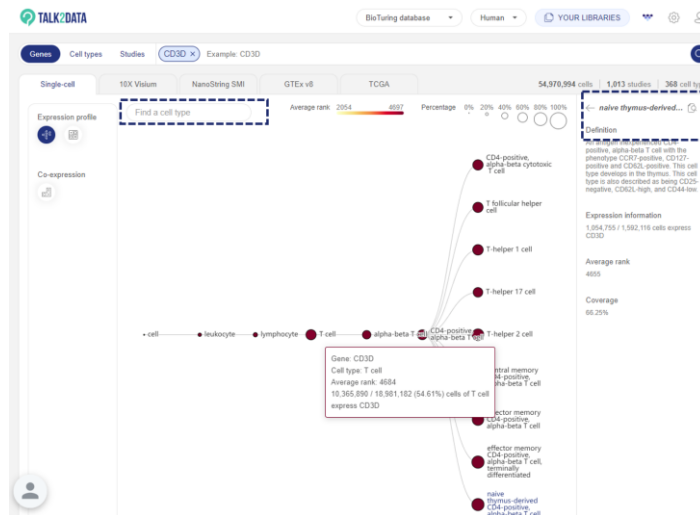
すでにアノテーションが揃っているので
メタデータより次元削減プロットに情報を反映できます。

アノテーションを活用して様々な角度からパブリックデータを再解析できます。
各解析の内容はウェビナー
「はじめてでもできるシングルセルRNA-Seqデータ解析」
「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」をご参照ください。

メーカーのデータベース全体にわたる遺伝子クエリ、共発現解析に関する情報を閲覧できます。
シングルセルRNA-seq情報の辞書引きのような機能です。

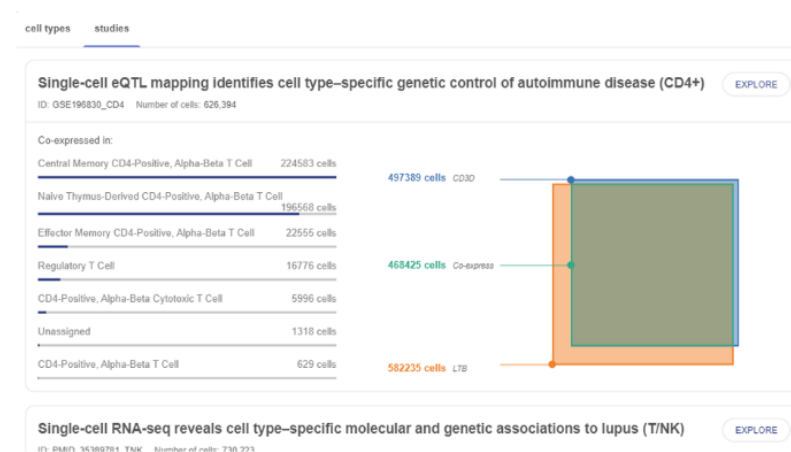
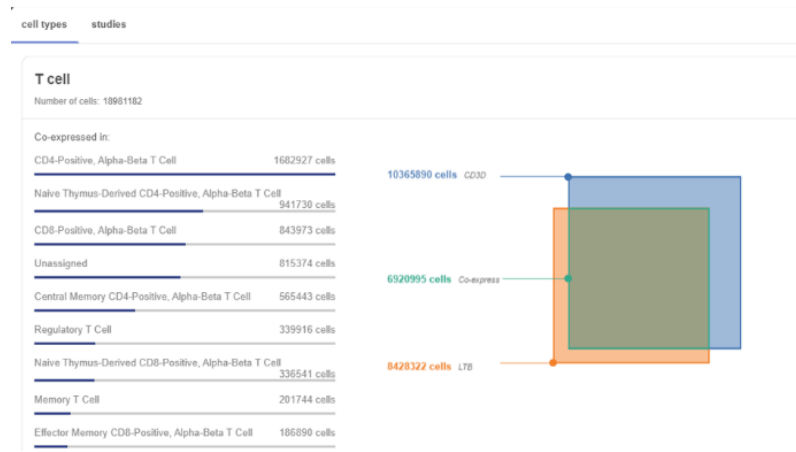
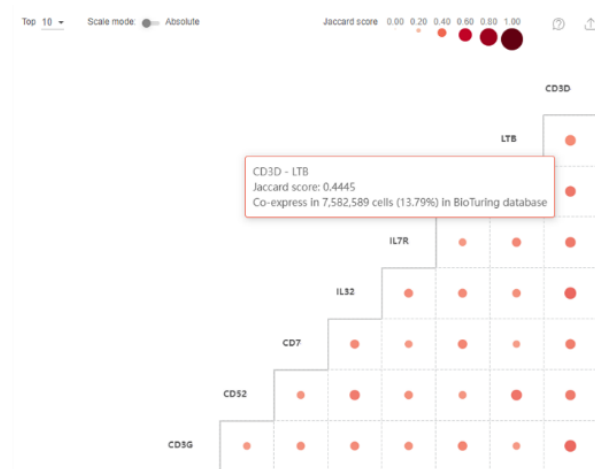


「Genes」をクリックしてから、目的の遺伝子を入力します(例 CD3Dなど)。



検索した遺伝子がどのセルタイプで発現するか検索することができます。

BioTuring シングルセルデータベースからの共発遺伝子を見つけることもできます。
その他BioTuring パブリックデータベースでセルタイプ間の共発現を調べ、ベン図で視覚化できます。



 TALK2DATA

BioTuring database

Human

YOUR LIBRARIES

Genes

Cell types

Studies

T cell

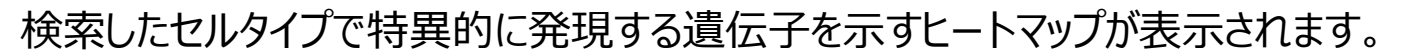
Cell types

T cell

Cell subtypes

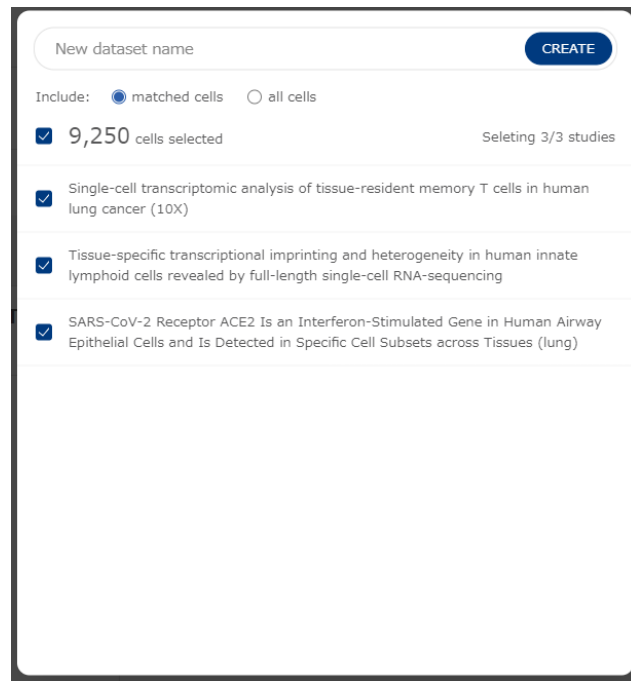
Goblet cell

Alpha-beta intraepithelial T cell





メーカーが収集した研究データセットを結合してシングルセルアトラスを作成できます。大規模なアトラスを分析すると特定の条件下で一貫して現れる細胞のサブセットなど、個々のデータセットを分析するときに隠れていたパターンがあきらかになる可能性があります。



New dataset name CREATE

Include: ☒ matched cells ☐ all cells

☒ 9,250 cells selected Selecting 3/3 studies

- ☒ Single-cell transcriptomic analysis of tissue-resident memory T cells in human lung cancer (10X)
- ☒ Tissue-specific transcriptional imprinting and heterogeneity in human innate lymphoid cells revealed by full-length single-cell RNA-sequencing
- ☒ SARS-CoV-2 Receptor ACE2 Is an Interferon-Stimulated Gene in Human Airway Epithelial Cells and Is Detected in Specific Cell Subsets across Tissues (lung)

Studyタブより研究データセットのフィルタリングを行います。その後「CREATE CUSTOM DATASET」をクリックすることでアトラスに含めるセルを指定します。

*アトラスに含めることのセル数は制限があります。
空間プロテオミクスデータベースではサポートされない機能です。



アトラス内の遺伝子発現の可視化やクラスタリング、スキャッターの調整、さらにグループ間の比較やエンリッチメント解析など様々な下流分析を行うことができます。

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