

# CellFocus 使用手册

## 简介:

CellFocus 是一款不需要生物信息专业知识仍可以交互式可视化单细胞转录组数据的工具，其功能主要包括：

- \*交互式降维结果展示；
- \*差异基因展示；
- \*基因表达展示；
- \*图片、表格的导出。

## 1 安装 CellFocus:

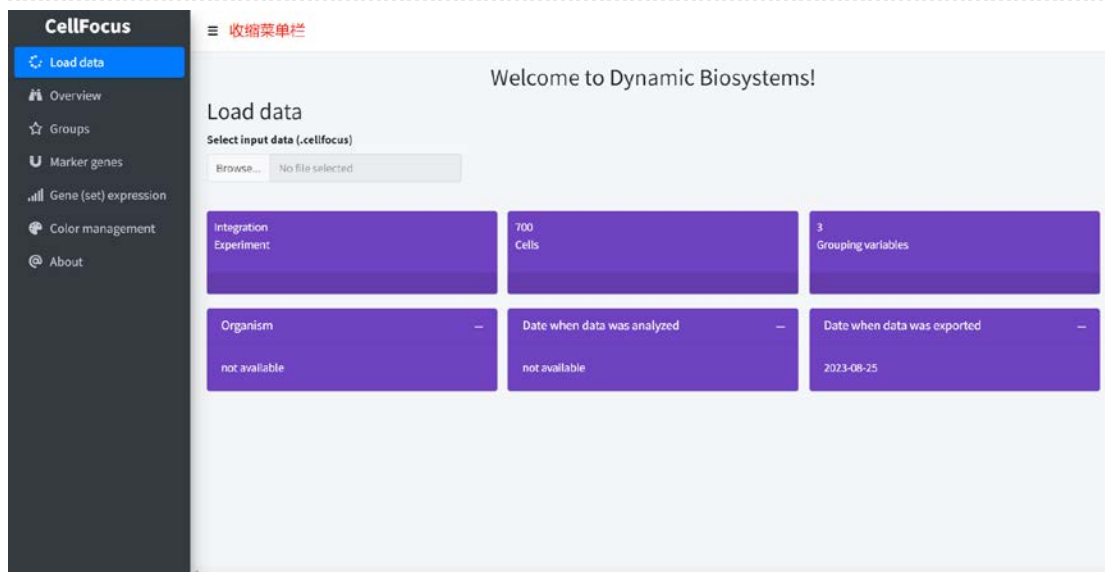
从链接中下载软件安装包，双击 **exe** 文件进入安装引导程序，安装完成即可运行。

主页链接: <https://github.com/DynamicBiosystems/CellFocus>

下载链接: <https://github.com/DynamicBiosystems/CellFocus/releases/tag/v1.0.2>

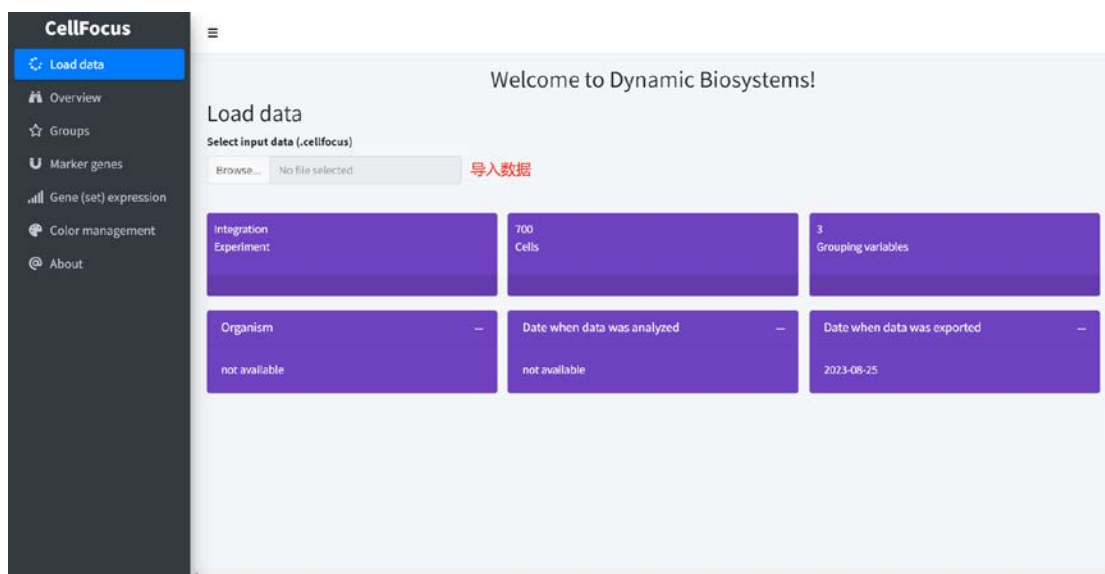
The screenshot displays the GitHub repository for CellFocus. The repository is owned by DynamicBiosystems and is public. It shows a list of files including docs, CellFocus.png, LICENSE, and README.md. The README.md file is open, showing the CellFocus logo and introduction. On the right side, the 'Releases' section shows the latest release, v1.0.2, which was released 7 minutes ago. The 'Assets' section for this release shows three files: CellFocus.exe (249 MB), Source code (zip), and Source code (tar.gz). The CellFocus.exe file is highlighted with a red box.

## 2 主界面简介:



## 3 导入数据:

选择 **Load data** 组件，点击上方的 **Browse** 按钮，导入已经准备好的.cellfocus 文件，导入成功，会显示文件样本信息、细胞数信息等。



## 4 交互式降维结果展示:

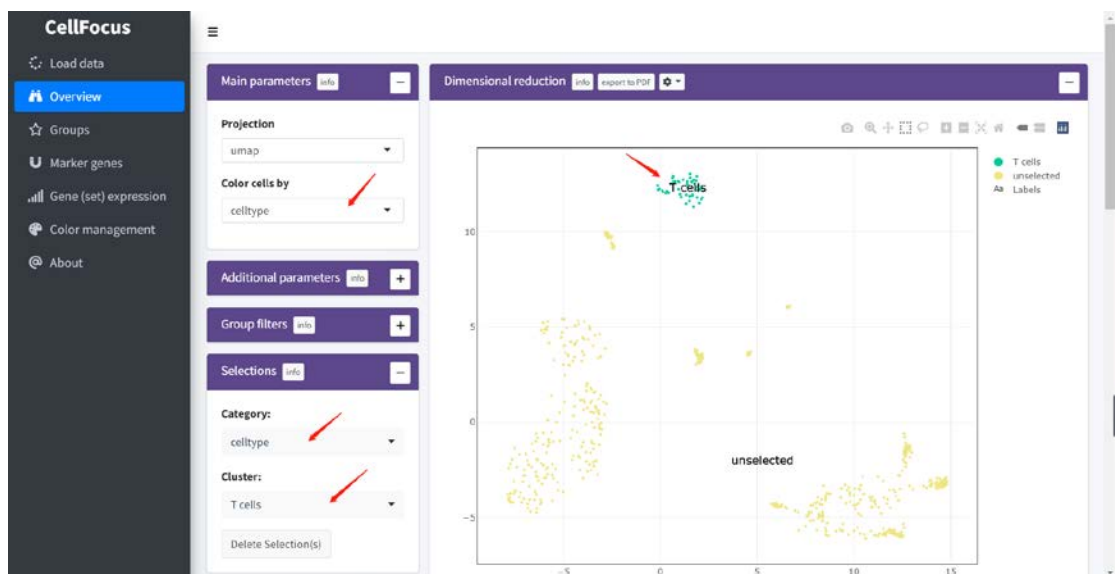
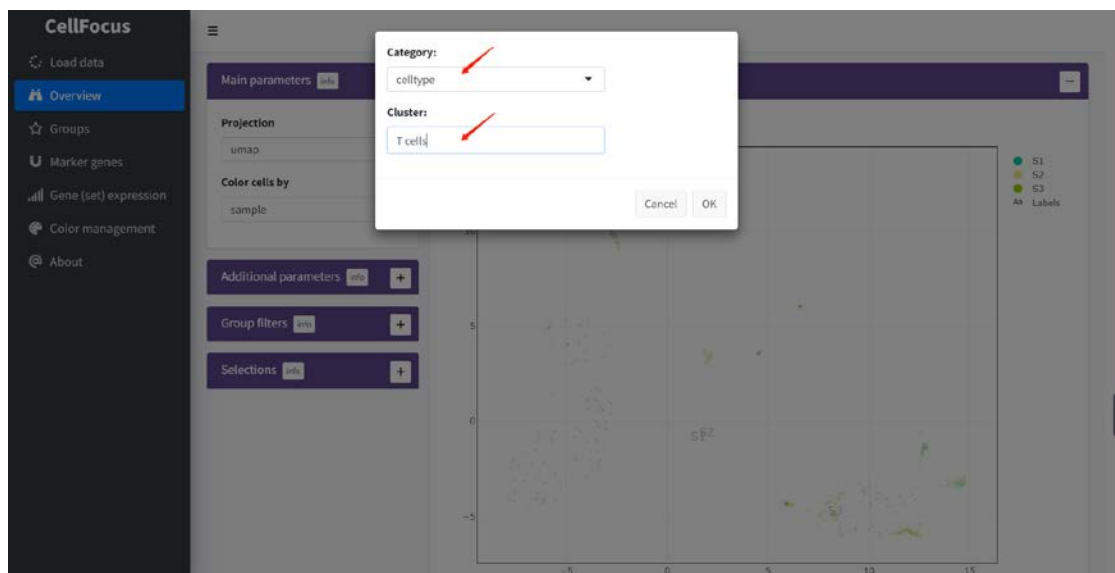
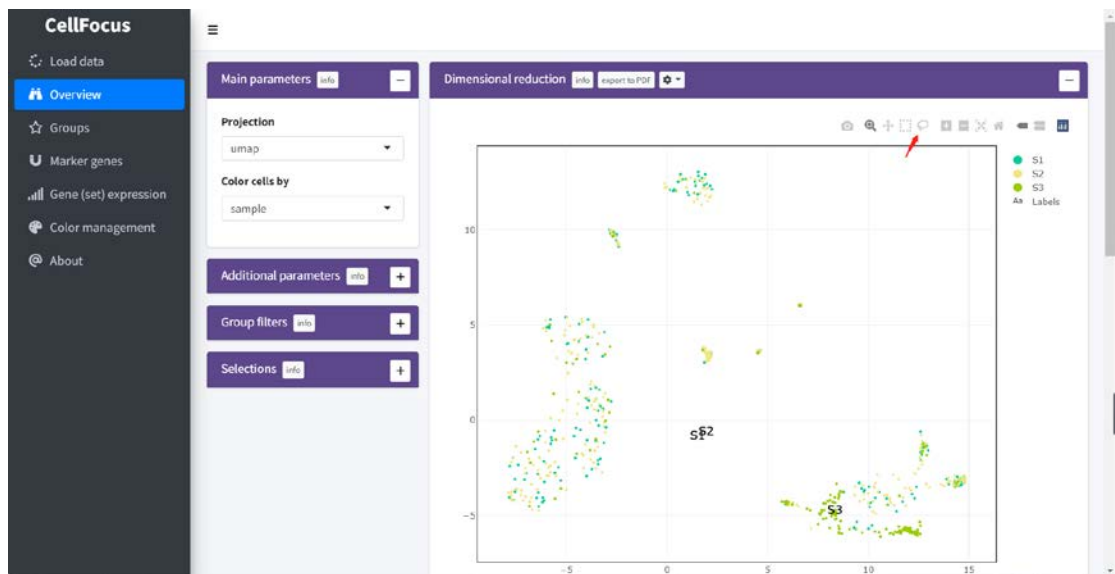
点击 **Overview** 组件，用户可以在 **Main parameter** -> **Projection** 组件中通过下拉框选择性展示降维图类型，也可以在 **Color cells by** 下拉框中选择不同的细胞属性进行展示，当鼠标停留在图中某个点时，也可以看到该点所代表的 cell Barcode id、转录本数目、该细胞表达基因数目、所属样本名、以及分组信息；用户也可以通过 **export to PDF** 导出为 PDF 图。


在 **Additional parameters** 组件中，用户可以修改图中点的大小，透明度，以及展示细胞数目，在 **Group filters** 组件中，用户可以选择展示哪些样本、以及分组。在 **Selections** 组件中，可以对圈选的细胞进行命名和修改。

细胞选择步骤如下：

1. 使用矩形选框或者曲线选框，在降维图中圈选一部分区域
2. 定义圈选细胞所属的列名，以及所属的细胞类型，最后点击 **OK**。降维图会展示圈选后的结果
3. **Selections** 组件中 **Category** 控制选择某列信息，如存在自定义的多个列时，在此选择。**Cluster** 控制哪些细胞类型在下方表格和图中展示。

- Selections 组件中 Delete 按钮用于删除不想要的 Cluster 或者 Category。取消 Cluster 中某个细胞类型的选择后，点击 Delete 按钮即可删除。





Dynamic Biosystems

苏州德运康瑞生物科技有限公司








Table of selected cells

Automatically format numbers: ☒

Highlight values with colors: ☒

Column visibility

Download

cell_barcode	sample	seurat_clusters	cluster.type	nUMI	nGene	RNA_snn_res.0.6	prediction_signif	cell.type	percent_mt	celltype
S1_AAATCCTGTGGC	S1	7	B cells	1,733	1,032	6	B cells	B cells	2.65%	T cells
S1_AACACTTCTTAA	S1	7	B cells	921	584	6	B cells	B cells	1.19%	T cells
S1_ACACCTGTCTTA	S1	7	B cells	1,073	610	6	B cells	B cells	1.86%	T cells
S1_ACAGGCTCTGG	S1	7	B cells	830	591	6	NK	NK	3.49%	T cells
S1_ACCGTGCCACCA	S1	7	B cells	1,084	652	6	B cells	B cells	3.04%	T cells
S1_AGCTTTTACTGA	S1	7	B cells	1,090	650	6	T cells	T cells	1.74%	T cells
S1_ATGAGGAGACGA	S1	7	B cells	1,225	670	6	T cells	T cells	3.35%	T cells
S1_CAAAGTTACCCA	S1	7	B cells	2,130	1,110	6	B cells	B cells	1.36%	T cells
S1_CAAATACATGCT	S1	7	B cells	3,485	1,272	6	B cells	B cells	2.45%	T cells

Show 15 entries

Showing 1 to 15 of 50 entries

Previous

1

2

3

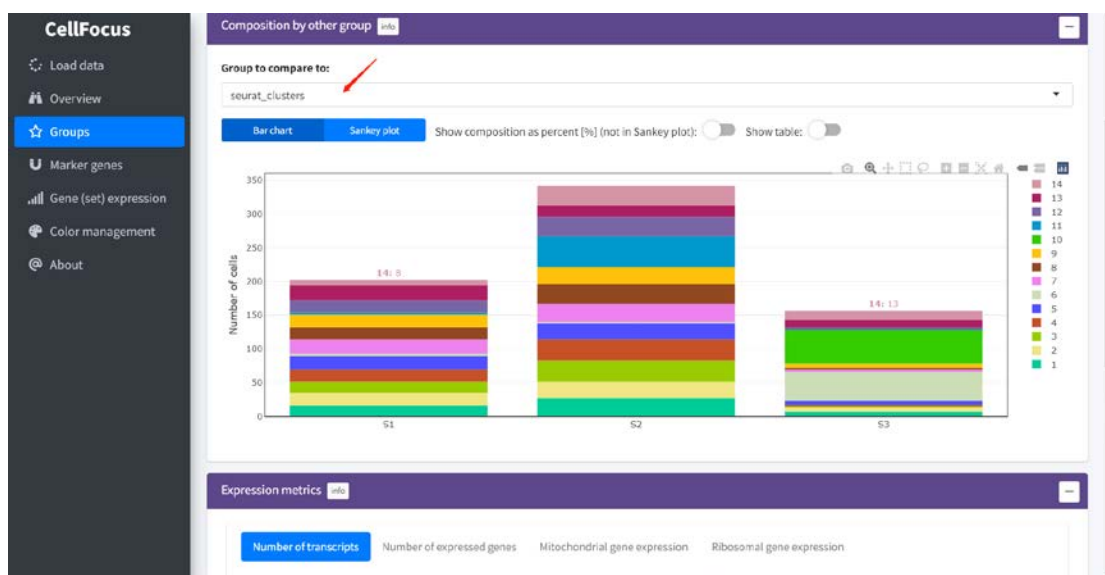
4

Next

## 5 细胞类型占比展示:

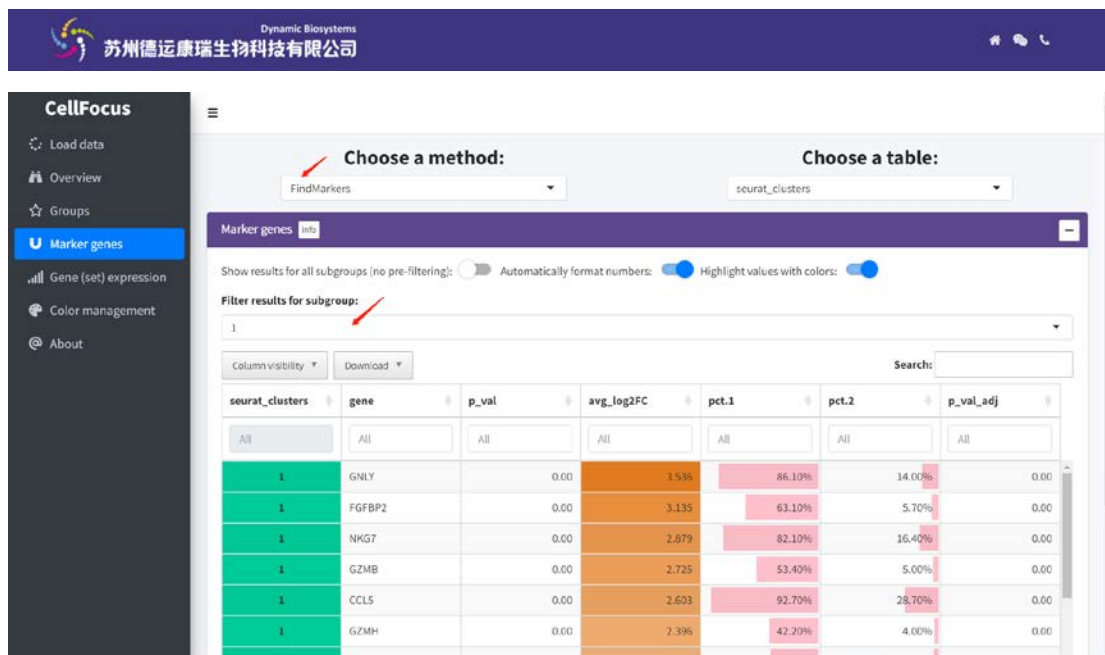
在 **Groups** 组件中,用户可以查看在不同分组中各细胞类型占比情况,在 **Choose a grouping variable** 下拉框中选择 **sample**,在 **group to compare to** 选择 **seurat\_clusters** 可以选择以条形图或桑基图展示每个样本中各 **cluster** 细胞数目占比,选择图中照相机按钮保存当前图片, **show table** 选项可以以列表形式展示不同分组中各细胞类型详情。

在 **Expression metrics** 展示框中,用户可以通过选择 **Number of transcripts**、**Number of expressed genes**、**Mitochondrial gene expression**、**Ribosomal gene expression** 选项分别以小提琴图展示各样本转录本数目分布情况、基因表达数目、线粒体基因表达情况以及核糖体基因表达情况。各图像可以以 **png** 方式导出。



## 6 差异基因展示:

在 **Marker genes** 组件中,用户可以选择不同的分组,查看该分组相对于其他分组差异表达的基因,在 **Filter results for subgroup** 下拉框中指定分组,结果以表格形式展示,用户可以在 **search** 框中输入感兴趣基因,查看其差异表达情况;表格数据可以通过 **download** 下载。



## 7 基因投影展示:

在 Gene(set) expression 组件中, 用户可以选择 Gene(s), 通过输入感兴趣的基因, 进行投影展示, 图像可以导出为 pdf, 在 Additional parameters 组件中, 用户可以修改图中点的大小, 透明度, 以及展示细胞数目, 在 Group filters 组件中, 用户可以选择展示哪些样本、以及分组; 在 Color scale 中进行颜色修改。

