

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：

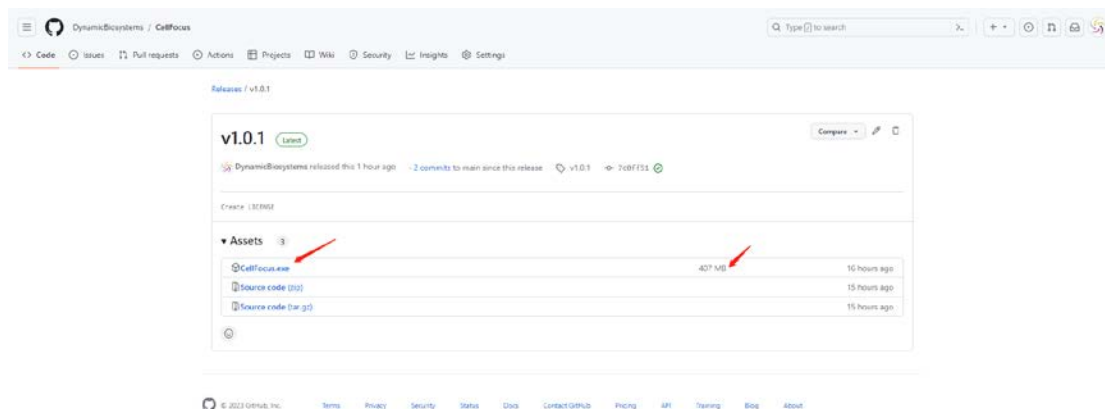
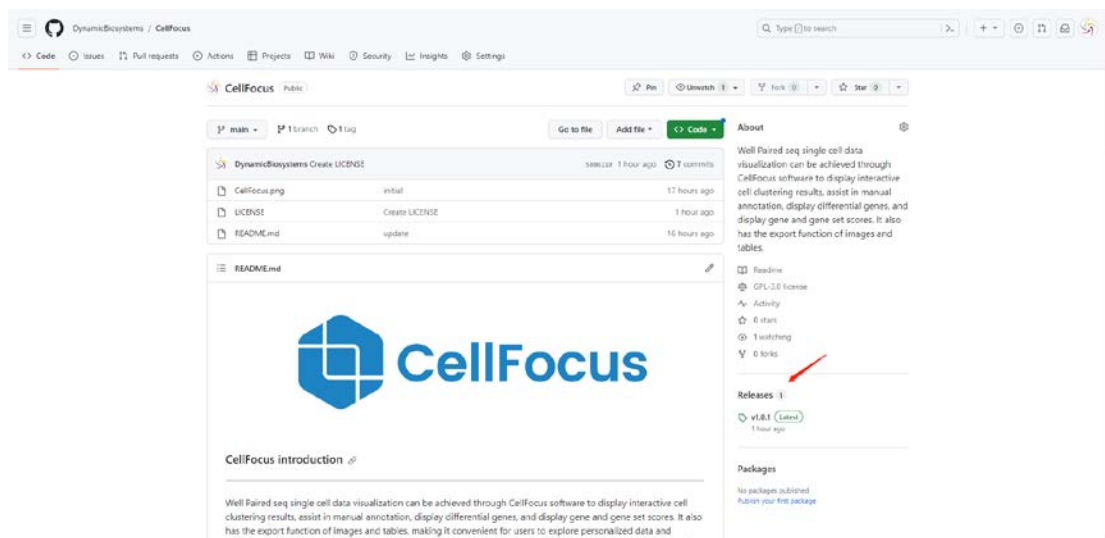
- *交互式降维结果展示；
- *差异基因展示；
- *基因和基因集评分的展示；
- *图片、表格的导出。

1 安装 CellFocus:

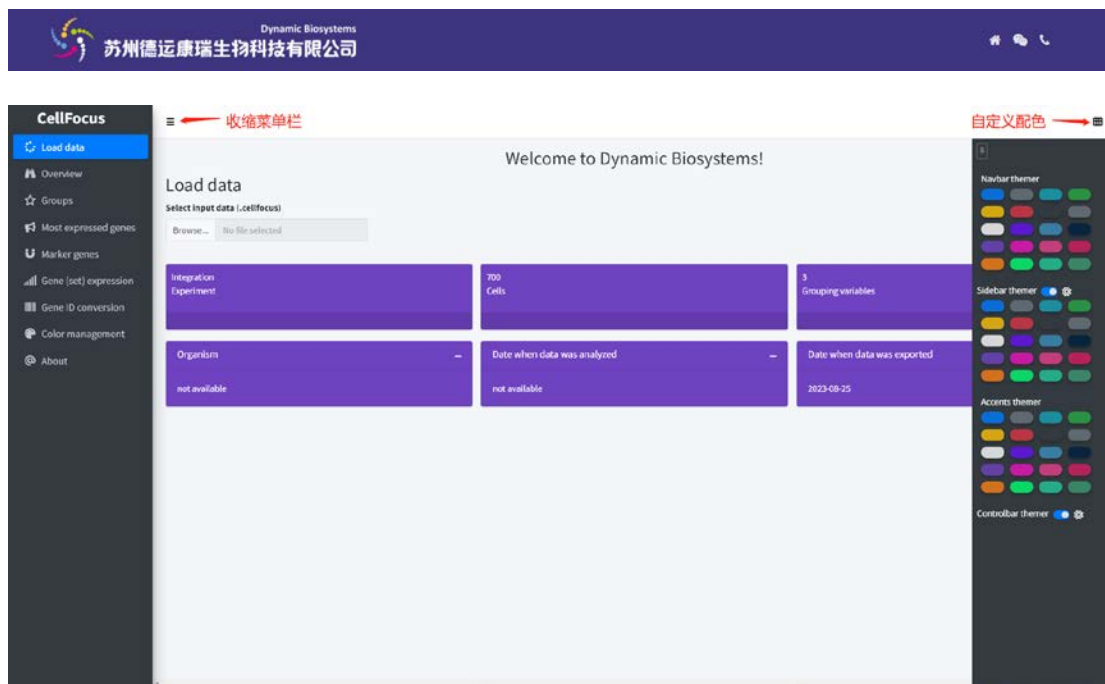
从链接中下载软件安装包，双击 exe 文件进入安装引导程序，安装完成即可运行。

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

下载链接: <https://github.com/DynamicBiosystems/CellFocus/releases/tag/v1.0.1>

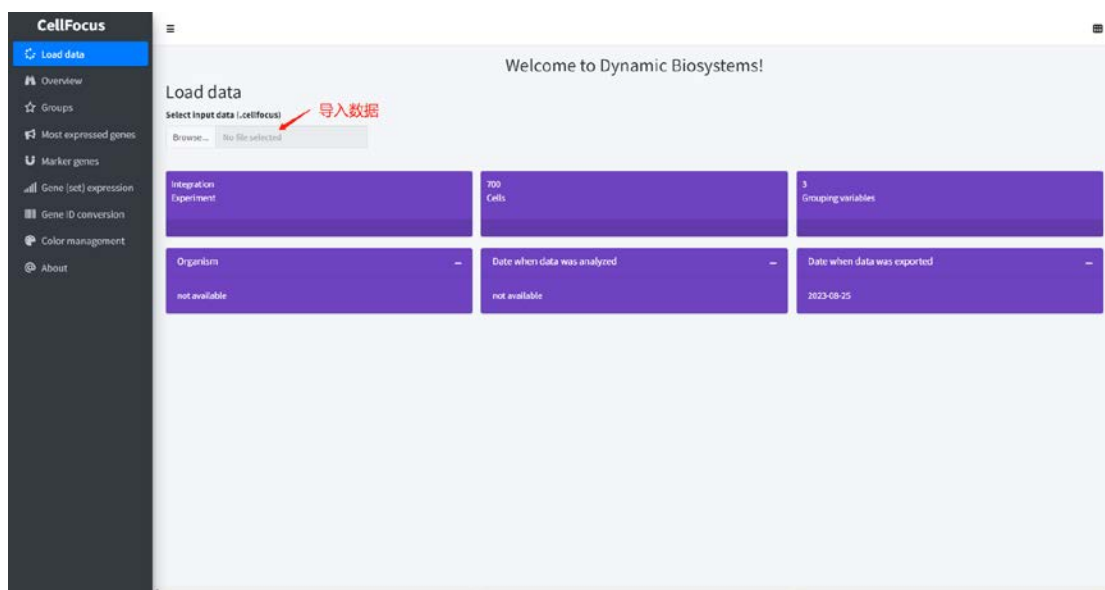


2 主界面简介:



3 导入数据：

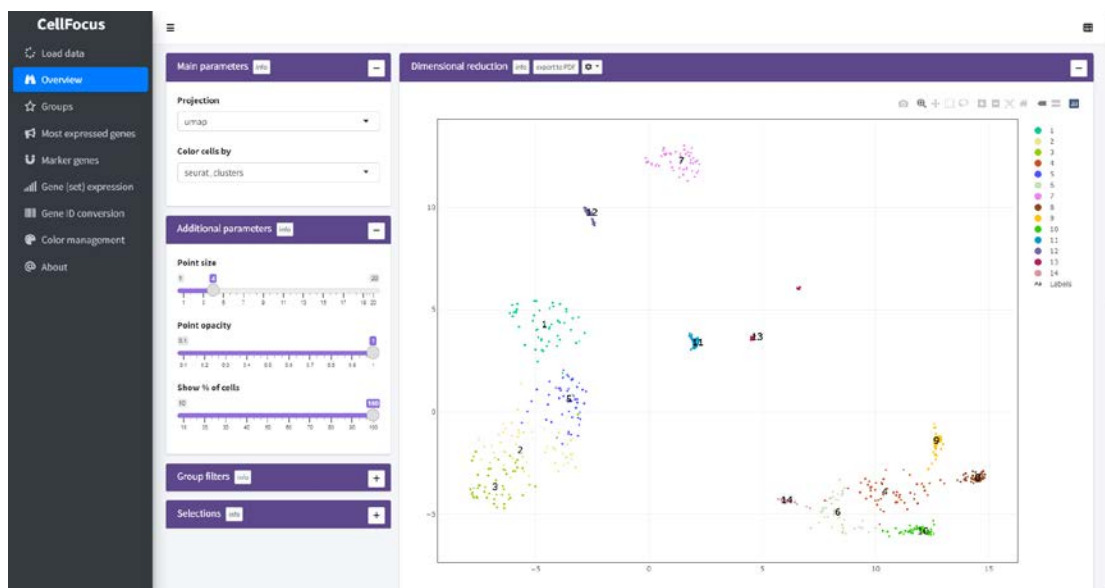
选择 **Load data** 组件，点击上方的 **Browse** 按钮，导入已经准备好的.cellfocus 文件，导入成功，会显示文件样本信息、细胞数信息等。



4 交互式降维结果展示：

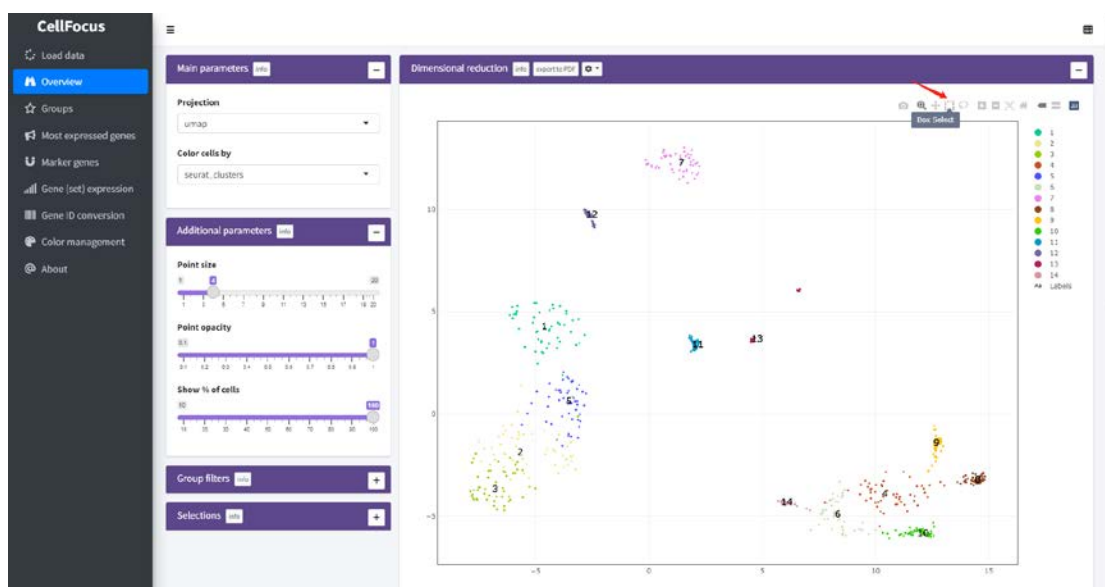
点击 **Overview** 组件，用户可以在 **Main parameter -> Projection** 组件中通过下拉框选择性展示降维图类型，也可以在 **Color cells by** 下拉框中选择不同的细胞属性进行展示，当鼠标停留在图中某个点时，也可以看到该点所代表的 cell Barcode id、转录本数目、该细胞表达基因数目、所属样本名、以及分组信息；用户也可以通过 **export to PDF** 导出为 PDF 图。

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。
4. 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。



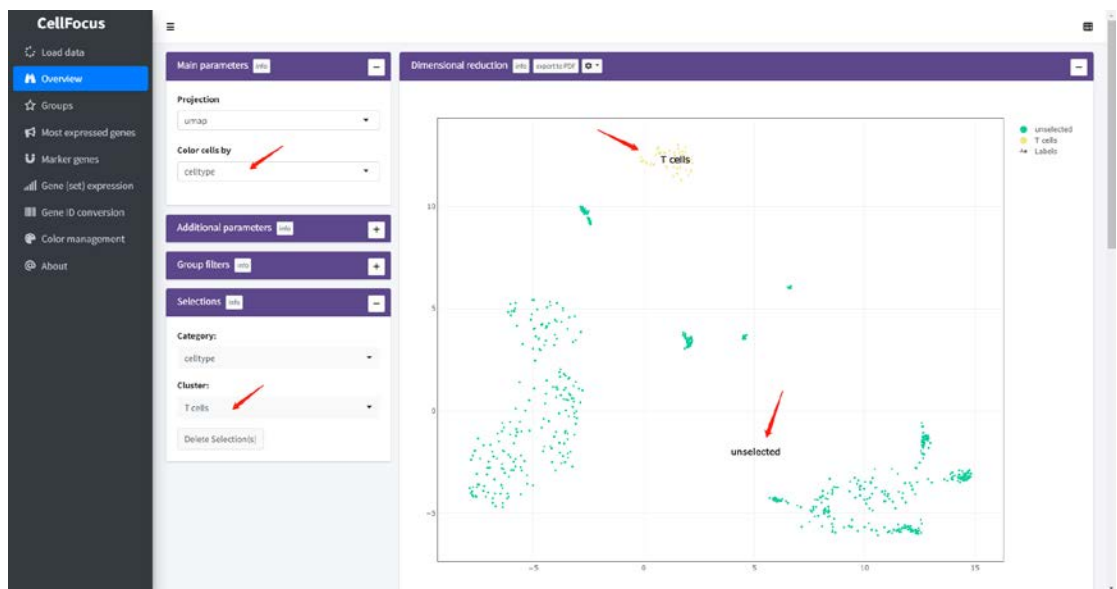
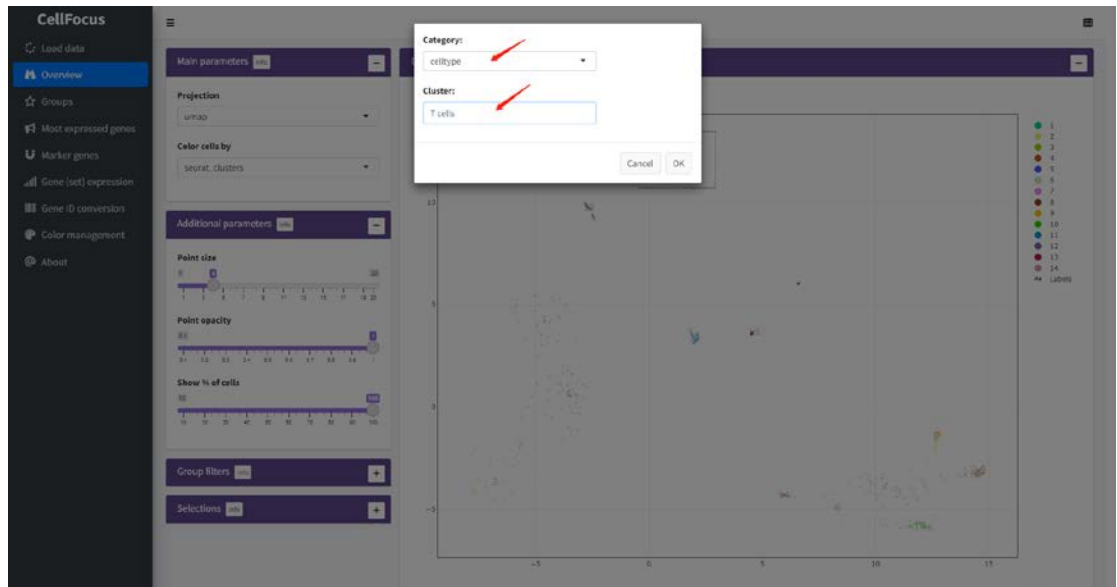


Table of selected cells

Automatically format numbers: ☒ Highlight values with colors: ☒

Column visibility

cell_barcode	sample	seurat_clusters	cluster.type	nUMI	nGene	RNA_snn_res.0.6	prediction_signif	cellType	percent_mt	celltype
All	All	All	All	All	All	All	All	All	All	All
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_ACACTGTCTCTA	S1	7	B cells	1,073	610	6	B cells	B cells	1.86%	T cells
S1_ACAGGCTCTGGG	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_CAAGCTTACCCA	S1	7	B cells	2,130	1,110	6	B cells	B cells	1.36%	T cells
S1_CAAACGATTTOT	S1	7	B cells	2,486	1,272	6	B cells	B cells	2.45%	T cells

Show 15 entries

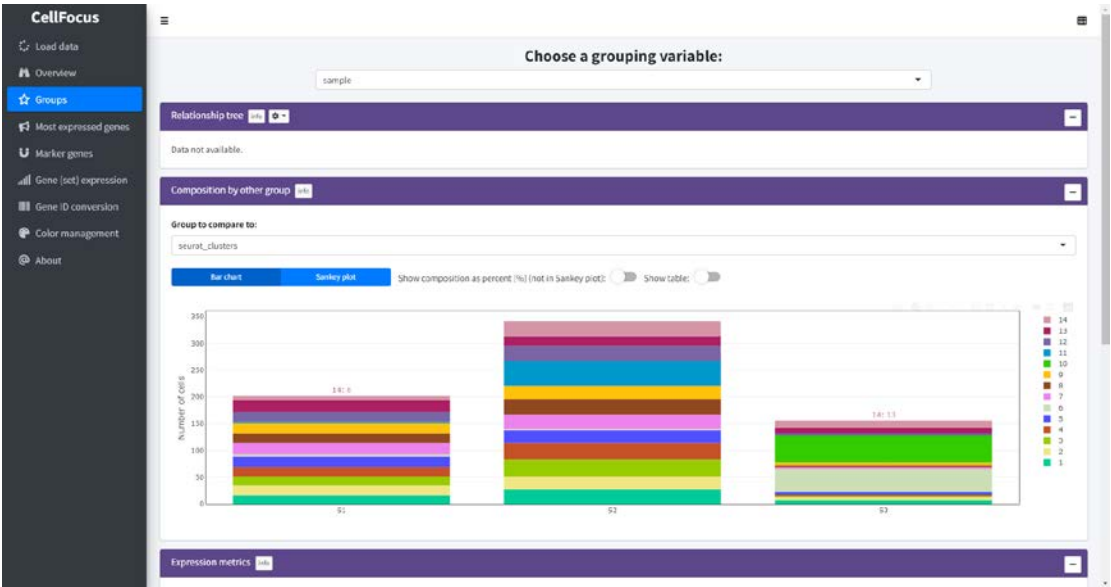
Showing 1 to 15 of 50 entries

Previous 1 2 3 4 Next

5 细胞类型占比展示:

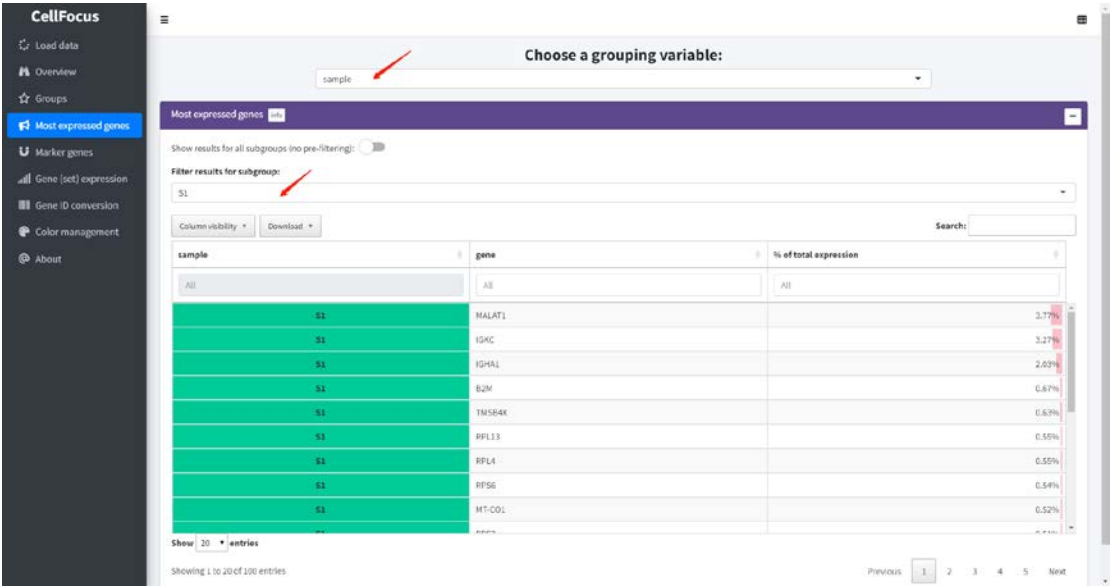
在 **Groups** 组件中，用户可以查看在不同分组中各细胞类型占比情况，在 **Choose a grouping variable** 下拉框中选择 **sample**，在 **group to compare to** 选择 **seurat_clusters** 可以选择以条形图或桑基图展示每个样本中各 cluster 细胞数目占比，选择图中照相机按钮保存当前图片，**show table** 选项可以以列表形式展示不同分组中各细胞类型详细情。

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 各细胞类型表达最多基因：

在 **Most expressed genes** 组件中，用户可以选择不同的分组，查看该分组下表达最多的基因，结果以表格形式展示，用户也可以在 **search** 框中输入感兴趣基因，查看其在不同细胞分型中表达情况。其计算方法为：在某一个细胞分型中，某一基因所有 umi 数目之和/所有基因 umi 之和。



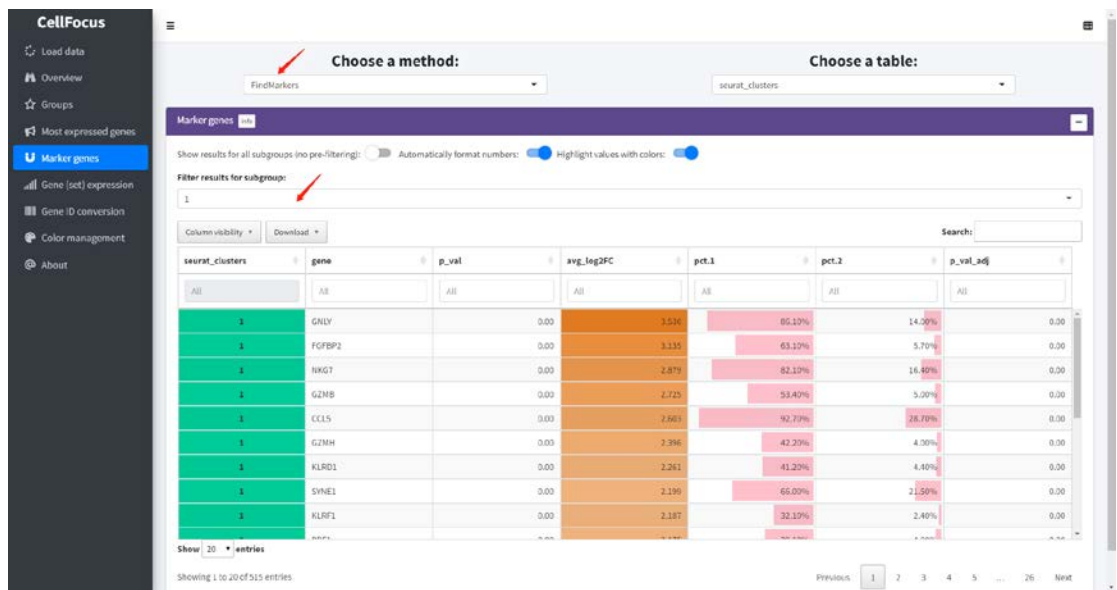
The screenshot shows the 'Most expressed genes' component. The 'Choose a grouping variable' dropdown is set to 'sample'. The 'Filter results for subgroup' dropdown is set to 'S1'. The 'Column visibility' and 'Download' buttons are visible. The table below displays the most expressed genes for sample S1, sorted by '% of total expression' in descending order. The table has columns for 'sample', 'gene', and '% of total expression'. The 'sample' column is set to 'All', the 'gene' column is set to 'All', and the '% of total expression' column is set to 'All'. The table shows 10 rows of data, with the first row being the header and the subsequent 9 rows showing genes and their expression percentages. The 'Show' button is set to '20' entries. The 'Showing 1 to 20 of 100 entries' text is visible at the bottom left. The 'Previous' and 'Next' buttons are visible at the bottom right.

sample	gene	% of total expression
All	All	All
S1	RIALAT1	3.77%
S1	IGKC	3.27%
S1	IGHA1	2.62%
S1	B2M	0.87%
S1	TMSB4K	0.63%
S1	RPL13	0.58%
S1	RPL4	0.55%
S1	RPS6	0.54%
S1	MT-CO1	0.52%

7 差异基因展示：

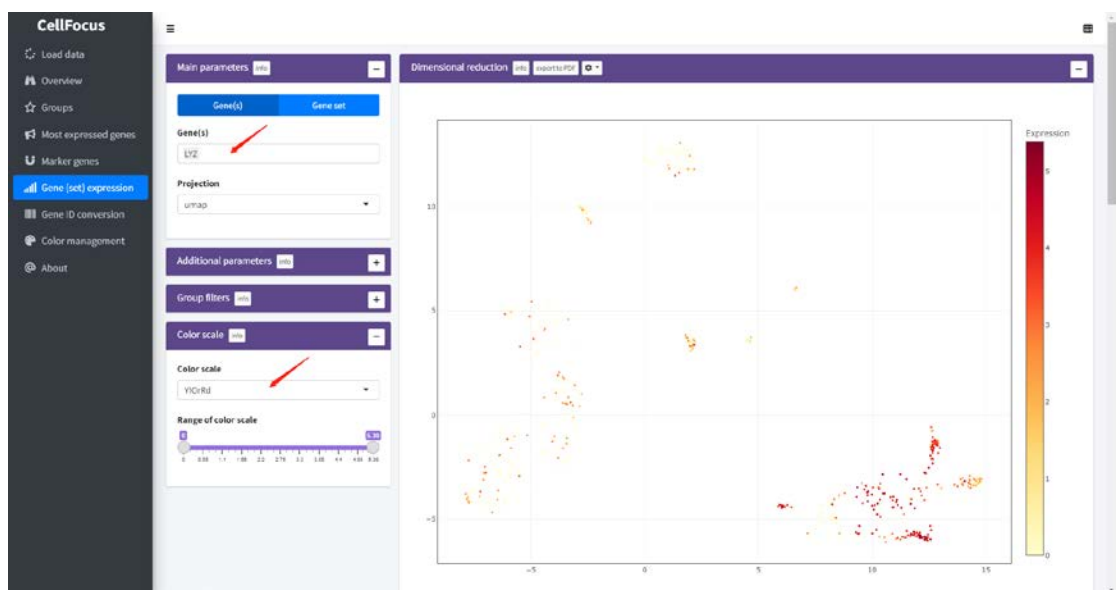
在 **Marker genes** 组件中，用户可以选择不同的分组，查看该分组相对于其他分组差异表达的基因，在 **Filter results for**

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。



8 基因/基因集投影展示：

在 **Gene(set) expression** 组件中，用户可以选择 **Gene(s)/Gene set**，通过输入感兴趣的基因或基因集，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。



9 ID 转换：

在 **Gene ID conversion** 组件中，用户可以通过 **Organism** 选择物种，通过输入感兴趣的基因查询其 ID 对应表。



CellFocus

- Load data
- Overview
- Groups
- Most expressed genes
- Marker genes
- Gene [set] expression
- Gene ID conversion**
- Color management
- About

Convert gene ID <=> gene symbol

Organisms:

human

Copy

Export

CSV

Print

Search:

gencode	ensembl	havana	symbol	type
ENSG00000223972.5	ENSG00000223972	OTTHUJMG00000000956.2	DDX11L1	transcribed_unprocessed_pseudogene
ENSG00000227232.5	ENSG00000227232	OTTHUJMG00000000958.1	WASH7P	unprocessed_pseudogene
ENSG00000278267.1	ENSG00000278267		MIR6859-1	miRNA
ENSG00000243485.5	ENSG00000243485	OTTHUJMG00000000959.2	MIR1302-2HG	lncRNA
ENSG00000284332.1	ENSG00000284332		MIR1302-2	miRNA
ENSG00000237813.2	ENSG00000237813	OTTHUJMG00000000960.1	FAM138A	lncRNA
ENSG00000268020.3	ENSG00000268020	OTTHUJMG0000000185779.1	AL627309.6	unprocessed_pseudogene
ENSG00000240381.2	ENSG00000240381	OTTHUJMG00000001095.8	DNAG11P	transcribed_unprocessed_pseudogene
ENSG00000186092.5	ENSG00000186092	OTTHUJMG00000001094.3	DNAF5	protein_coding
ENSG00000288098.6	ENSG00000288098	OTTHUJMG00000001096.7	AL627309.3	lncRNA
ENSG00000239945.1	ENSG00000239945	OTTHUJMG00000001097.2	AL627309.3	lncRNA
ENSG00000233750.3	ENSG00000233750	OTTHUJMG00000001257.3	CICP27	processed_pseudogene
ENSG00000263963.1	ENSG00000263963	OTTHUJMG0000000182518.7	AL627309.7	processed_pseudogene
ENSG00000269481.1	ENSG00000269481	OTTHUJMG0000000182738.2	AL627309.8	processed_pseudogene
ENSG00000239906.1	ENSG00000239906	OTTHUJMG00000002481.1	AL627309.2	antisenseRNA
ENSG00000241860.6	ENSG00000241860	OTTHUJMG00000002480.3	AL627309.5	processed_transcript
ENSG00000222623.1	ENSG00000222623		RNU6-1100P	snRNA