

**\*\*\*输出结果目录结构：**按照输出结果的类型（图片）进行分类，即同一目录存储不同样本及样本分组（如果有分组）相同分析的结果；

**\*\*\*关于按样本分组信息可视化结果说明：**按样本分组统计克隆型频数结果不建议使用，文章中克隆型频数通常是按样本进行统计（每个样本是一个独立的个体）；按样本分组统计克隆型频数结果本分析也有输出，但不建议使用，如果使用需要结合项目背景自行合理描述；

**\*\*\*克隆型频数分组标准：**默认情况下，Single 代表单一克隆型；Medium 代表克隆型频数大于 1，小于等于 10；Large 代表克隆型出现频数大于 10；

**01.sc.CloneBar：**按照克隆型频数分组展示占比；

**02.sc.Diversity：**克隆型多态性分析，使用 Hill/ inverse Simpson/ Chao1/ d50 4 种方法计算样本克隆多样性，值越大表示样本的克隆多样性越高。

**03.sc.Clustertree：**通过克隆型使用情况的 cosine similarity 对样本进行层次聚类；

**04.sc.HaveOrNot：**按照克隆型频数分组统计样本中每个 cluster 不同克隆型占比；

**05.sc.Otherinfo：**按样本及样本分组输出克隆型的统计信息，若样本数或组数小于 7，会同时输出克隆型 Venn 图，以及共有克隆型的信息。

**06.sc.CloneTypePie：**展示不同克隆型频数分组克隆型频数与占比情况，圆圈大小代表总克隆型数目；

**07.sc.UmapCloneType：**基于组内克隆型频率和样本内克隆型频率，top（默认 top5）克隆型在 umap 图上的分布及 umap 上展示细胞是否还有免疫受体，同时输出 top 克隆型信息；

**08.sc.UpsetR：**展示每个细胞类型克隆型数据及不同细胞类型间克隆型的交集。

**09.sc.VJproportionUsage：**各细胞中  $\alpha$  链/重链 VJ 基因及  $\beta$  链/轻链使用频数热图，横坐标 V 基因和 J 基因，纵坐标是细胞类型；

**10.sc.TopNgenexpTop：**横坐标是基因，纵坐标是基因的使用频数(占比)，不同颜色表示不同样本/组，展示不同链（T 细胞： $\alpha$  链及  $\beta$  链；B 细胞：重链及轻链）上不同基因（V、D、J 基因，D 基因很少出现）的使用情况（默认展示 top20）；

**11.sc.VJpairs：**双链中 V-J 基因的使用频数。横坐标是双链的 V 基因，纵坐标是双链的 J 基因。颜色的深浅表示频数的大小；

注：默认克隆型定义方式为基于 V(D)J 基因型进行，另外可选择基于 V(D)J 基因型+CDR3 氨基酸序列/核苷酸序列进行定义。