



SiCR: シングルセル免疫学に特化したウェブアプリケーション

氏名：石川昌和^{1,2}、松本薫³、奥崎大介^{1,2,3,4}

所属：¹大阪大学免疫学フロンティア研究センター、²大阪大学感染症総合研究研究拠点、³大阪大学微生物病研究所、⁴大阪大学先導的学際研究機構

SiCR(サイクル)ではマウス操作のみで シングルセル免疫学解析を行えます。使い方はこちら→



インプットファイル

10 x GenomicsのCellrangerで生成した3ファイル

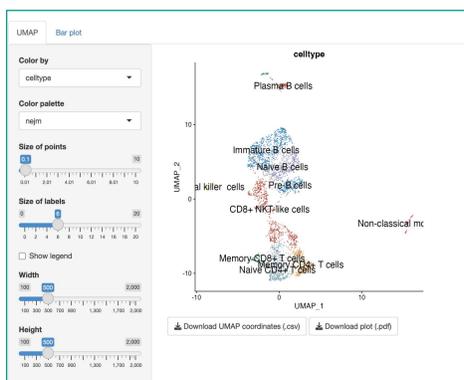
1. カウントファイル (.../outs/count/filtered_feature_bc_matrix.h5)
2. TCRアノテーションファイル (.../outs/vdj_t/filtered_contig_annotations.csv)
3. BCRアノテーションファイル (.../outs/vdj_b/filtered_contig_annotations.csv)

Run

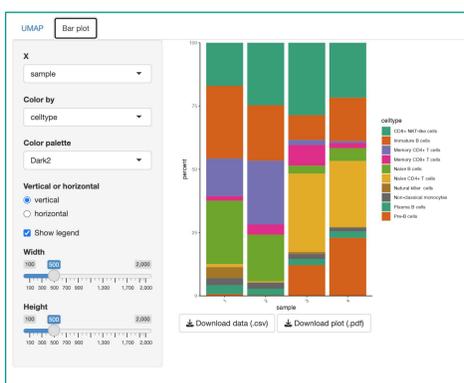
遺伝子発現量解析

ファイルをアップロードするだけでクラスタリングを自動で行い、UMAP図を表示します。また自動でアノテーションも行います。プロットのサイズや色も調整することができます。図をPDFでダウンロードすることができます。GO enrichmentなど、発現量比較解析もまもなく実装されます。

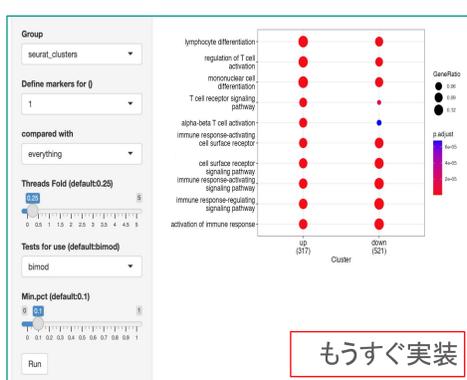
1. Dimensional Plot



2. クラスターの割合



3. GO enrichment

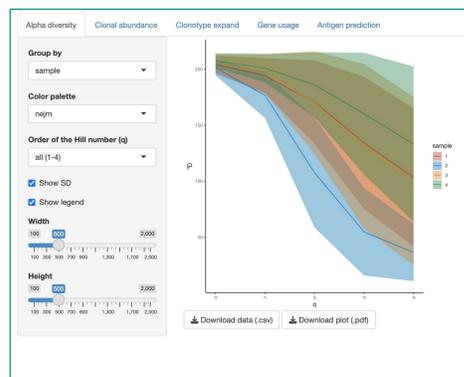


もうすぐ実装

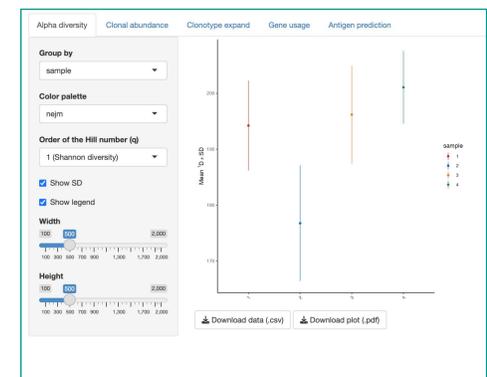
レポータ解析

SiCRでは、様々なツールを組み合わせマウス操作のみでシングルセル免疫学の解析が行なえます。まず、グループごとの多様性を知るために、グループごとのAlpha DiversityもしくはShannon Diversityのプロットを表示することができます。そして、Clonal AbundanceやGene Usageのプロットを表示することで、特定のグループでどのクロノタイプがエクスパンドしているかを知ることができます。さらに、エクスパンドしたクロノタイプの特性を知るために、反応する抗原を推定することができます。さらにBCRにおいては系統樹の作成が可能です。

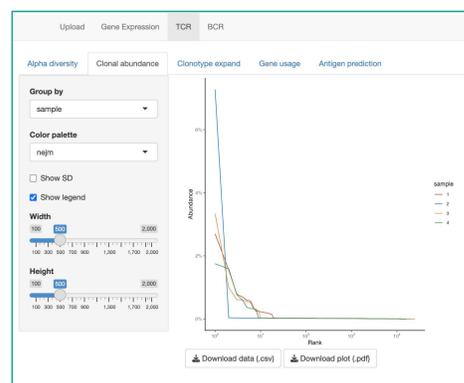
4. Alpha Diversity



5. Shannon Diversity



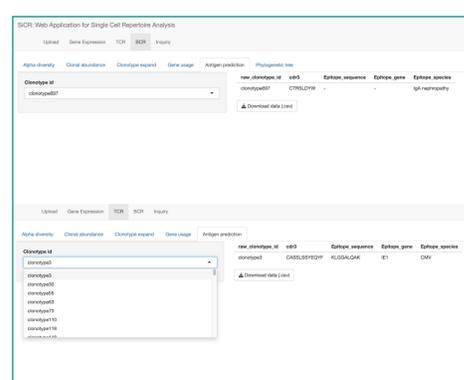
6. Clonal Abundance



7. Gene Usage



8. Antigen Prediction



9. Phylogenetic tree

