

MobiVision-v3.2软件变更说明

integrate

1. 新增子命令

可用于整合一至多个mobivision quantify运行产生的filtered_cell_gene_matrix文件。

quantify

1. --cellnumber <STRING>

原使用方法 --cellnumber <INT> 更改为 --cellnumber <STRING>。其中，<STRING>的内容可为“整数”或“ED:整数”。

“整数”表示取UMI数量排名前“整数”的barcode为细胞；

“ED:整数”表示按照EmptyDrops的算法讲细胞进行排序后，取UMI数量前“整数”的barcode为细胞。因此，此处“整数”必须小于等于EmptyDrops算法评估得到的细胞数目。

2. 接续分析

若前一次分析中断，重新提交分析任务。重新提交的分析任务与失败的任务命令行参数均相同，生成的结果路径也相同，则任务会自动判断上一次任务分析的进度，并接着上一次分析的结果，继续分析。

3. 新增结果文件：cell_metrics.csv、Map_stats.csv、SampleID.qlentille

3.1 cell_metrics.csv

- 单物种样本，含5列信息：barcode_list, UMI_Total_Count, Gene_Count, MT_Count, MT_Percent %
- 双物种样本，含13列信息：barcode_list, UMI_Total_Count, UMI_species1_Count, UMI_species2_Count, Gene_species1_Count, Gene_species2_Count, MT_species1_Count, MT_species2_Count, MT_species1_Percent %, MT_species2_Percent %, MAX_UMI_Count, Cell_Ratio, Species

3.2 Map_stats.csv

记录了比对至参考基因组不同区域的reads的绝对数及相对占比。

3.3 SampleID.qlentille

根据filtered_cell_gene_matrix矩阵生成的可视化文件，可导入Mobi-Browser软件进行可视化，包含UMAP及TSNE两种降维展示方式，leiden、louvain、k-means (2-10) 总计11中细胞聚类方式，同事记录了每个cell对应的基因表达水平。

4. 优化结果文件

4.1 SampleID.h5ad文件

保留了对应的filtered_cell_gene_matrix矩阵的完整信息。

4.2 summary.csv文件

新增指标Total genes detected。

4.3 SampleID_Aligned.sorted.bam文件

- 新增unmapped reads，即该版本输出的bam文件包含mapped reads及unmapped reads；

- 新增tag: UR、CR、UY、CY

4.4 html文件

- UMAP Projection算法调整
- html中Mapping板块的help信息调整, 具体见help信息。

chip

1. 删除结果文件: filtered.h5ad

2. 新增结果文件: peaks_annotation.tsv.gz、fragmentsInCells.tsv.gz.tbi、fragmentsInPeaks.tsv.gz.tbi, 若样本为双物种, 则每个物种单独输出一个bw文件。

2.1 peaks_annotation.tsv.gz

对call peak得到的peaks文件进行注释, peak type有promter、distal及intergenic三种。

2.2 fragmentsInCells.tsv.gz.tbi

fragmentsInCells.tsv.gz的索引文件

2.3 fragmentsInPeaks.tsv.gz.tbi

fragmentsInPeaks.tsv.gz的索引文件

3. 优化结果文件: fragmentsInCells.tsv.gz、fragmentsInPeaks.tsv.gz、Sample.filtered.bed.gz、SampleID_Report.html

3.1 fragmentsInCells.tsv.gz、fragmentsInPeaks.tsv.gz、Sample.filtered.bed.gz

均新增一列readsSupportCount信息

3.2 html

- 新增指标:
 - fraction of reads overlapping intergenic region
 - fraction of reads overlapping distal region
 - fraction of reads overlapping promoter region
 - TSS enrichment score
 - fraction in nucleosome-free regions
 - Fraction flanking a single nucleosome and multiple nucleosomes
- 新增图片: Peak Targeting Plot
- UMAP Projection算法调整为t-SNE Projection, 降维方式由PCA更改为LSA。

mk_chip_ref

1. 新增必需参数:

-g <GTF>, --gtffile <GTF>, 用于指定基因组注释文件路径。

2. 新增结果文件:

tss.bed, transcripts.bed, genome.gtf

mtx2csv

1. 同时兼容mobivision quantify输出的filtered-cell-gene-matrix矩阵和mobivision chip输出的filtered-cell-peaks-matrix矩阵。

re_call_cell

1. 新增结果文件： SampleID_Report.html。

cite

1. 新增结果文件： SampleID_Aligned.sorted.bam。

vdj

1. 当V(D)J结果细胞数和配对数为0时，可正常生成html文件。

fmt_gtf

本版本无更新。

mkindex

本版本无更新。

rename

本版本无更新。