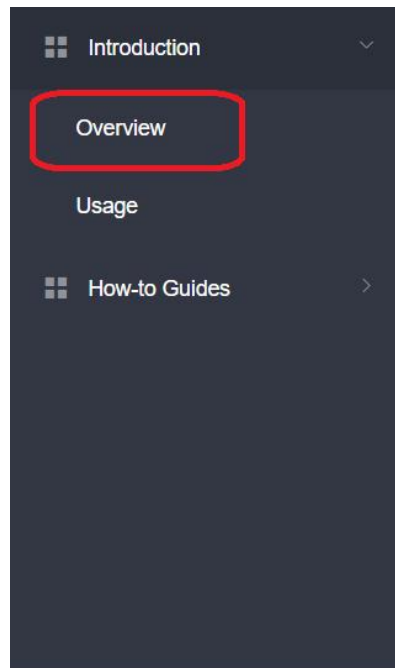


MobiBrowser 是一个交互式的桌面软件，用于可视化墨卓生物的转录组数据，支持 Windows 10/11 系统。

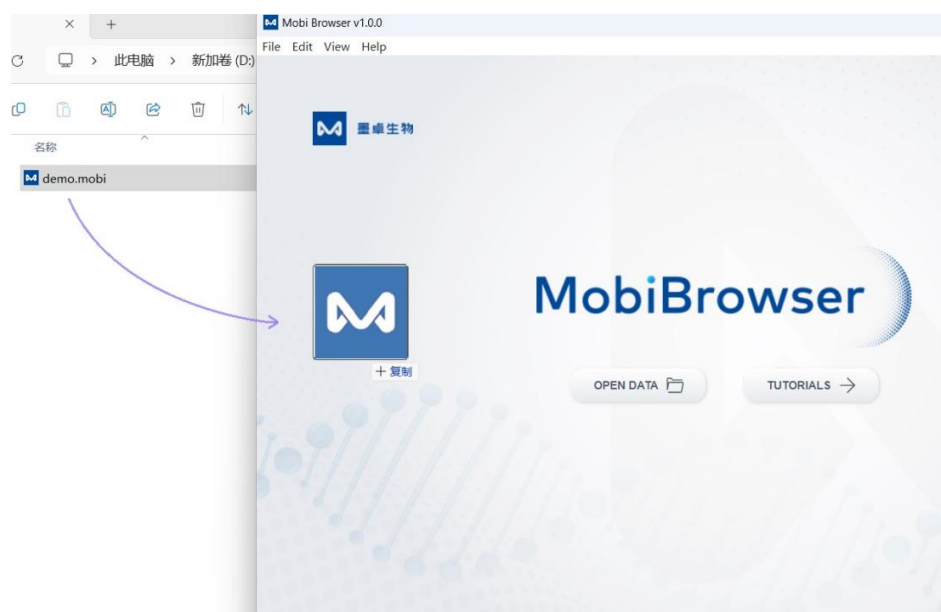


MobiBrowser 读取 MobiVision 单细胞转录组的"qlentille"数据文件，执行降维、分组和聚类，产生细胞亚群的可视化信息，以更直观友好的形式显示细胞亚群层面的基因表达、差异基因的 Fold Change、差异的显著性 P 值等，帮助研究人员进行生物学和基因组学研究。

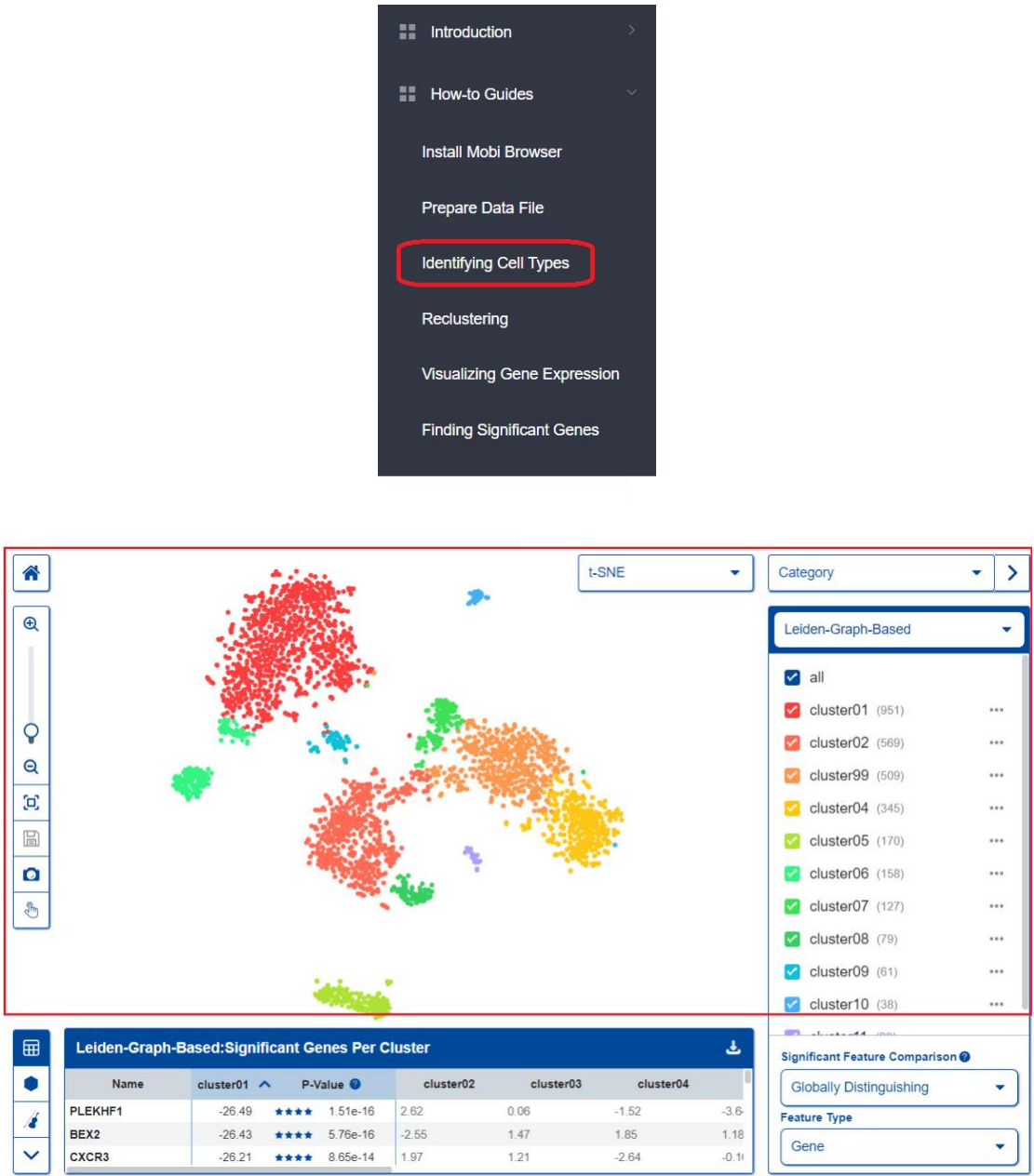
MobiBrowser 的使用步骤如下：

1. 准备数据文件

用户可以使用 MobiVision 的 quantify 子命令生成的"qlentille"数据文件。



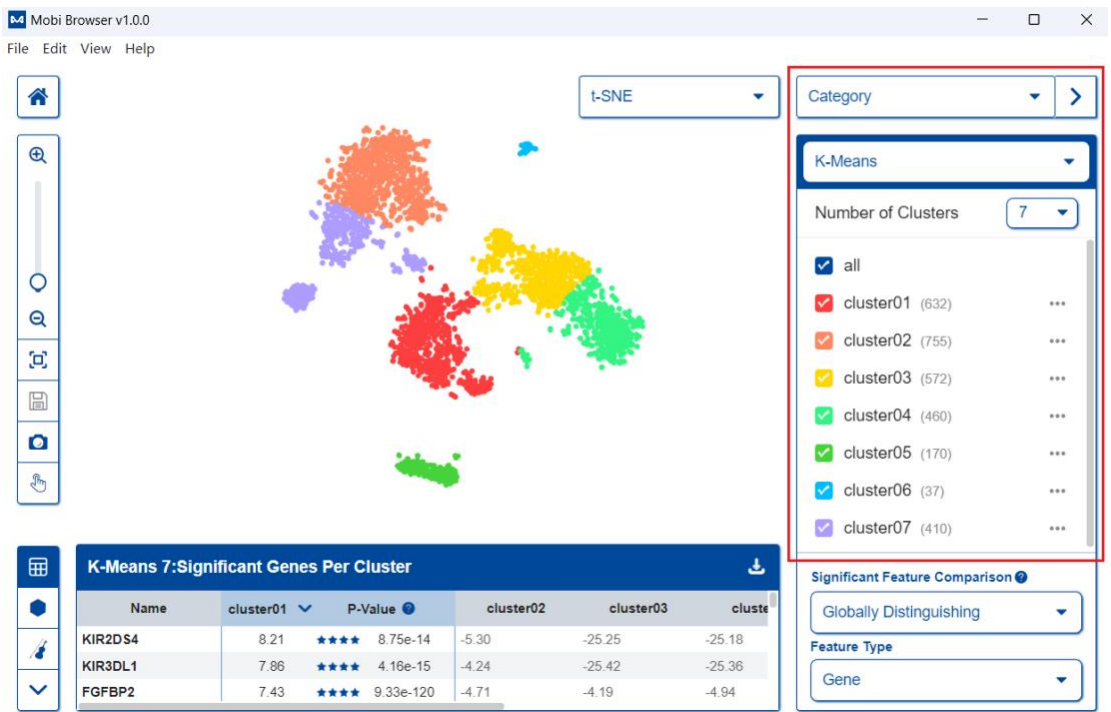
2. 识别细胞类型



点击'OPEN DATA'按钮，选择数据文件，然后浏览器页面将显示。在浏览器页面中，用户可以根据基于leiden图算法或K-means方法识别细胞聚类结果的散点图，更容易看出一个生物样本中包含多少可能的细胞类型。在主页面的中心，用户可以交互式地查看图中不同细胞分类的距离，以及组织样本中不同分类的比例。用户还可以勾选一个或多个细胞分类，在UMAP图中确认它们的数量和距离。用户可以在功能按钮上修改每个聚类名称的聚类名称和颜色。

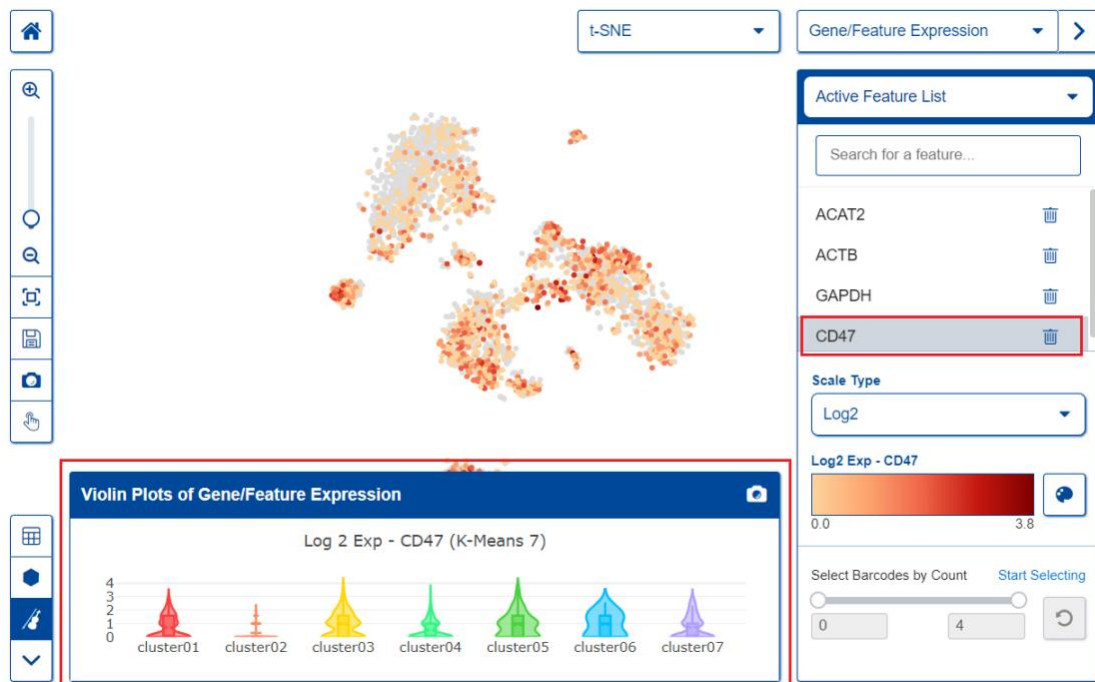
3. 重新聚类

用户可以使用 K-means 算法的细胞聚类结果，看看哪些分类可以组合在一起，可能是相似的细胞类型。用户可以自定义整个样本中可能存在的潜在细胞群体数量。在过滤器面板中，用户可以通过点击“创建新规则”按钮创建新的聚类。



4. 可视化基因表达

在这一部分，用户可以通过特征图或小提琴图可视化基因表达模式。散点图可视化提供了一种紧凑的方式，显示每组中表达基因的细胞分数（点数）和这些细胞中基因的平均表达。用户可以选择一个基因进行 UMI 计数可视化。



5. 寻找显著基因

每个聚类的基因表达差异结果使用 One-Vs-Rest 方法计算，并在页面底部的表格中呈现。使用小提琴图比较每个聚类中差异基因的表达范围，用户可以检查不同细胞群体的 Marker 基因是否在显著差异基因列表中。差异基因表达热图用于可视化不同细胞聚类之间显著基因的表达。

