

空間トランスクリプトミクスデータベース



DeepSpaceDB v.2.0

<https://deepspacedb.com>

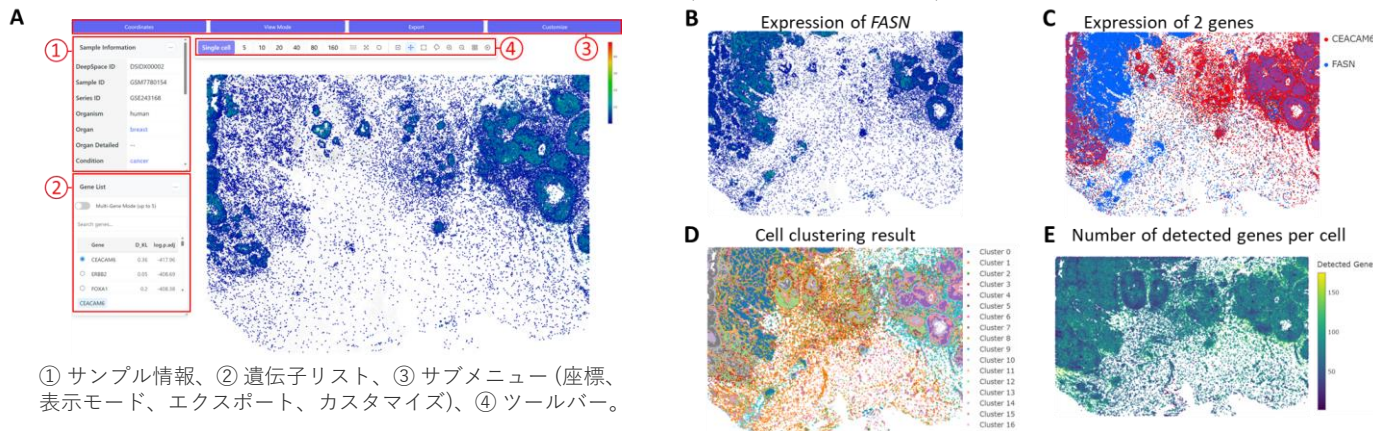


DeepSpaceDBでは、さまざまな組織の空間トランスクリプトミクスデータを簡単に閲覧し、バイオインフォマティクスの専門家でなくても、ウェブ上で容易にかつインタラクティブに解析することができます。NCBI GEOなどで公開されている空間トランスクリプトミクスデータのうち、主なプラットフォームである10X Genomics社のVisiumプラットフォームとXeniumプラットフォームで取得されたデータを収集し、データ品質評価で問題があったサンプルを除くほぼ全てのデータを収載しています。

DeepSpaceDBでは、サンプルの由来組織や疾患状態などのメタデータを精査した上で、表記やオントロジーを統一し、さまざまな解析ツール、例えば、発現プロファイルに基づく各スポットのクラスタリング、任意の遺伝子の空間的発現分布の表示、空間的に発現が変動しているパスウェイの表示、発現している遺伝子から予測された細胞の種類の空間的分布の表示、任意に選択したエリア間での遺伝子発現比較などのツールを利用することができます。また、ユーザーが自分のデータをアップロードして、DeepSpaceDBに収載されているデータと同じ正規化処理、品質評価指標の計算を行って、次元削減、クラスタリング、空間的に発現が異なる遺伝子や活性化しているパスウェイなどの結果を得ることができます。アップロードした自分のデータは、DeepSpaceDB内のサンプルデータと比較でき、例えば、健常サンプルをリファレンスとして比較解析したり、類似した条件のサンプルと比べたりすることができます。アップロードしたデータには固有のURLが割り当てられ、共同研究者と共有できますが、DeepSpaceDBの公開データには組み込まれず、他のユーザーには公開されません。アップロードしたデータはサーバーに一定期間保存された後に自動的に削除されますが、ユーザーがいつでも削除することができます。

DeepSpaceDBを他の解析ツールとともに活用することで、例えば、脳組織切片のどの領域にどのような種類の神経細胞が存在するのかを明らかにしたり、複雑な内部構造を有する腎臓組織のどの細胞が腎疾患で異常を起こしているのかを同定したり、あるいは乳がんの腫瘍サンプルでどの辺りにどのような免疫細胞が浸潤してきているのかを見出したりといったことが可能になります。

Xenium専用インターフェース (サンプル: DSIDX00002)



< DeepSpaceDBの収載データ数 > (2026年1月16日現在)

| 生物種 | Visium (V1) | Visium (V2) | Xenium |
|-----|-------------|-------------|----------|
| ヒト | 1,020 サンプル | 341 サンプル | 432 サンプル |
| マウス | 648 サンプル | 135 サンプル | 187 サンプル |
| その他 | 0 サンプル | 0 サンプル | 9 サンプル |

DeepSpaceDBは2022~2025年度の3年間、JST統合化推進プログラムの研究開発課題「空間オミックスデータ解析用データベースの開発 (研究代表者 VANDENBON Alexis 京都大学 医生物学研究所 准教授)」で支援していました。

- Honcharuk V, Zainab A, Horimoto Y, Takemoto K, Diez D, Kawaoka S, Vandenbon A. DeepSpaceDB: a spatial transcriptomics atlas for interactive in-depth analysis of tissues and tissue microenvironments. NAR 2025. (doi: <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf1117>)
- Honcharuk V, Takemoto K, Diez D, Kawaoka S, Vandenbon A., DeepSpaceDB 2.0: an interactive spatial transcriptomics database for large-scale Xenium data exploration. bioRxiv 2026 (doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.15.699623>)

DeepSpaceDBの使い方



DeepSpaceDB v.2.0
<https://deepspacecdb.com>



1. 閲覧サンプルの選択

「Databaseタブ」で、生物名、臓器などで絞り込み、リストから閲覧したいサンプルを選択します。サンプル番号がわかっている場合は、検索ボックスからサンプル番号で直接検索することもできます。

2. データ品質の評価結果の表示

「Quality of this sampleタブ」では、選択したサンプルのデータ品質が評価できます。「Select quality measure」のドロップダウンメニューから、検出遺伝子、リード数、Mitoなどを選択すると、スポットごとの各パラメータが確認できます。

3. 大規模言語モデル (LLM) で予測されたサンプル画像のアノテーションの表示

「Image annotationタブ」で「Show LLM annotation」にチェックを入れてマウスのカーソルを画像に重ねると、各グリッドベースで大規模言語モデル (LLM) によって予測されたアノテーションと解剖学的構造や状態に関する情報が表示されます。

4. 細胞タイプのクラスタリング結果の表示

「Spot clusteringタブ」では、検出された遺伝子に基づく細胞タイプのクラスタリング結果が色分けされて表示されます。

5. 空間的に特徴的な発現を示す遺伝子の表示

「Spatially variable genesタブ」では、singleCellHaystack関数で特定されたサンプル内で空間的に特徴的な発現が予測された遺伝子 (SVG) のリストが表示されます。スコアの高い遺伝子は明確に異なる空間的な発現パターンを示します。リスト内の遺伝子をクリックすると、指定した遺伝子のサンプルの各スポットでの発現レベルが色分けされて表示されます。

6. 空間的に特徴的な活性を示す生物学的パスウェイの表示

「Spatially variable pathwaysタブ」では、SVG遺伝子セットに基づいて空間的に特徴的な活性が予測された生物学的パスウェイのリストが表示されます。リスト内のパスウェイをクリックすると、指定した生物学的パスウェイのサンプルの各スポットでの活性が色分けされて表示されます。

7. 各スポットで予測された細胞組成の表示

「Cell type compositionsタブ」では、各スポットごとに予測された細胞組成が表示されます。左側の「Predicted cell type fractions」の画像には予測された細胞組成に基づくクラスタリング結果が、右側の「Top predicted cell type」の画像には各スポットのトップ組成の細胞型が色分けされて表示されます。

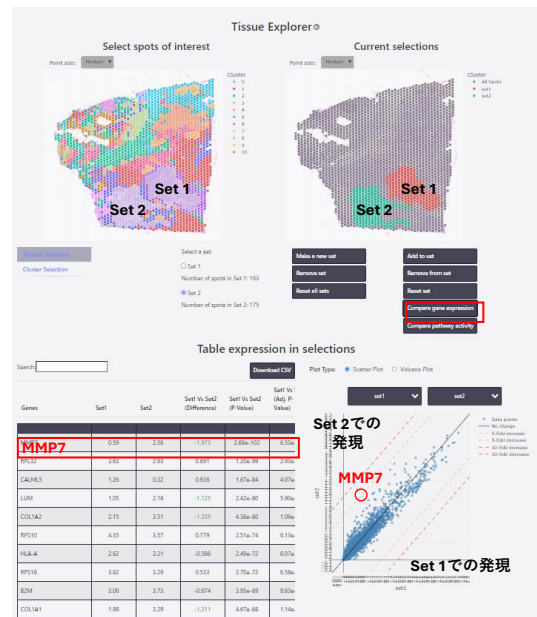
8. 異なる領域で発現が異なる遺伝子や活性が異なる生物学的パスウェイの表示

「Tissue Explorerタブ」では、領域間で発現や活性が異なる遺伝子や生物学的パスウェイを調べることができます。

- 領域の選択: 「Manual selection」を選び、「Select a set」でSet 1を選択して、左側の「Select spots of interest」の画像の調べたい領域をマウスをドラッグして囲み、「Add to set」を押すと、右側の「Current selections」の画像上に、選択された領域のスポットがハイライトされます。ここでは複数の領域をSet 1に加えることができます。次に「Select a set」でSet 2を選択し、同様に比較したい領域を選択します。
- 発現が異なる遺伝子: 「Compare gene expression」をクリックすると、選択した領域間での発現が異なる遺伝子のリストと散布図が表示されます (図1)。散布図では、各スポットにマウスのカーソルを合わせると、遺伝子名と各領域の平均発現値が確認できます。
- 活性が異なる生物学的パスウェイ: 「Compare pathway activity」をクリックすると、選択した領域間での活性が異なる生物学的パスウェイのリストと散布図が表示されます。

【参考】

- Honcharuk, V., et al. DeepSpaceDB: A spatial transcriptomics atlas for interactive in-depth analysis of tissues and tissue microenvironments. bioRxiv (2025). (doi: <https://doi.org/10.1101/2025.01.05.631419>)
- 「実験医学」2025年4月号 Vol.43 No.6 (ISBN 978-4-7581-2590-1) | 羊土社
- Prabhune, N., et al. A. Mining Spatial Transcriptomics Datasets using DeepSpaceDB. J. Vis. Exp. (223), e68892, doi:10.3791/68892 (2025).
- 「実験医学増刊 オミクスデータを探す! 使いこなす! 公共データベース厳選53」2025年12月 Vol.43 No.20 (ISBN 978-4-7581-0431-9) | 羊土社



(図1) 異なる領域で発現が異なる遺伝子の表示の例

乳がんサンプル (DSID000277) の解析例。左上の画像でSet 1とSet 2の領域を指定し、Compare gene expressionを実行。選択した領域間で発現が異なる遺伝子のリストと散布図が示され、Set 2の領域でMMP7の発現がSet 1よりも高くなっていることが示されている。