

MobiVision-Release-Info 中文版本

MobiVision v4.1 版本发布说明

发布日期： 2025 年 9 月

1. 功能新增

- (1) 新增 ATAC-seq 分析模块，支持处理 MobiCube 的 ATAC-seq 数据新增子命令：
mobivision atac - 专用 ATAC-seq 分析流程
- (2) 日志模块： 更清晰、完善的日志记录系统
- (3) BAM 转换： 新增 bam 转 fastq 转换功能
- (4) ChIP 接续分析功能： 从中断步骤重新分析，节省重复步骤分析时间，减少资源浪费

2. 功能优化和修复

- (1) ChIP-seq 优化： ChIP-seq 插入片段图最大显示 1,000 bp、ChIP-seq 数据可视化改用 t-SNE 替代 UMAP、ChIP-seq 峰值注释分析新增可视化、ChIP-seq 的 HTML 报告中增加显示组蛋白修饰名称
- (2) 转录组优化： 优化了接头切除算法；优化了非模式物种线粒体小提琴图识别模块；增加了 noBam 功能
- (3) 质控指标： 各组学背景信息新增细胞和 UMI 计数
- (4) 代码重构： 完整框架重构，提升运行效率
- (5) 内存优化： 增强大规模数据资源管理
- (6) 错误预防： 添加 6 列格式 GTF 文件检查、添加 reference.json 验证，防止运行到后期才报错，避免浪费时间

(7) 线程管理： 解决 pthread_create 资源限制问题

MobiVision v3.2 版本发布说明

发布日期： 2025 年 3 月

1. 功能新增

(1) mobivision integrate - 数据整合分析新增子命令

2. 功能优化和修复

(1) 转录组优化： 新增结果文件： cell_metrics.csv - 更详细细胞级质控指标； 结果文件调整： h5ad 文件，保留对应 filtered-cell-gene-matrix 矩阵的完整信息； summary.csv 新增“检测基因总数”指标； 比对 BAM 文件字段调整： 添加 UR、CR、UY、CY 标签和未比对 reads； 报告展示调整： UMAP 降维矩阵算法调整； 帮助信息更新

(2) chip 模块更新： 移除结果文件： filtered.h5ad； 新增结果文件： peaks_annotation.tsv.gz、索引片段文件(.tbi)； 报告新增质控指标： fraction of reads overlapping intergenic region、fraction of reads overlapping distal region、fraction of reads overlapping promoter region、TSS enrichment score； 报告可视化更新： t-SNE 投影，降维方式 PCA 改为 LSA

(3) mk_chip_ref 模块更新： 新增必需参数： -g/--gtffile 指定基因组注释 新增输出文件： tss.bed、transcripts.bed、genome.gtf

(4) mtx2csv 模块更新： 兼容 quantify 输出的 filtered-cell-gene-matrix 矩阵和 chip 输出的 filtered-cell-peaks-matrix 矩阵。

(5) re_call_cell 模块更新： 修复了不可生成 html 质控报告的问题

(6) cite 模块更新： CITE 模块分析结果文件中保留转录组的 BAM 文件，BAM 的 tag 信息包含 barcode 和 UMI 序列及质量值

(7) VDJ 模块修复： 修复了无细胞/配对时不会正常生成 HTML 报告的问题