



# シングルセル研究に役立つソフトウェアのご紹介

フィルジェン株式会社 バイオインフォマティクス部(biosupport@filgen.jp)

## Bioturing社が販売する3つの製品



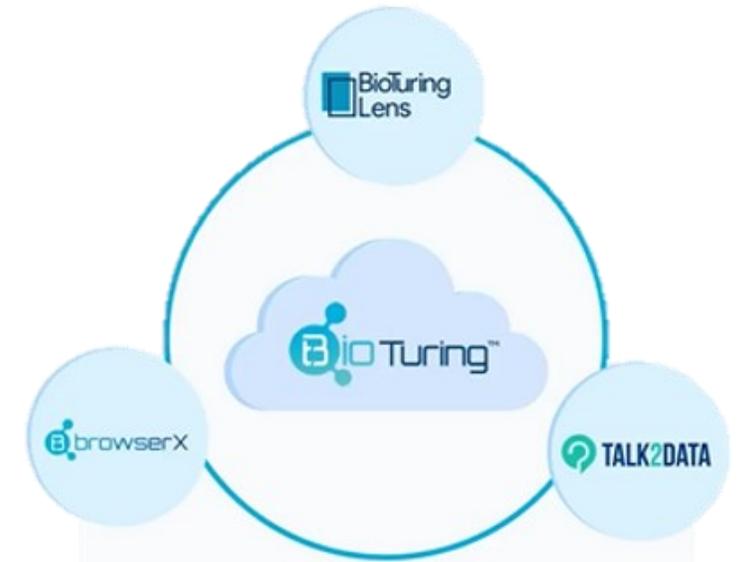
- プライベートデータのシングルセル RNA-Seq データ解析



- プライベートデータの空間トランスクリプトーム解析



- シングルセル研究のパブリックデータの閲覧と再解析



1 データをインポート

2 フィルタリング、  
正規化などの前処理

3 t-SNEおよびUMAP視覚化

4 バッチ効果の除去

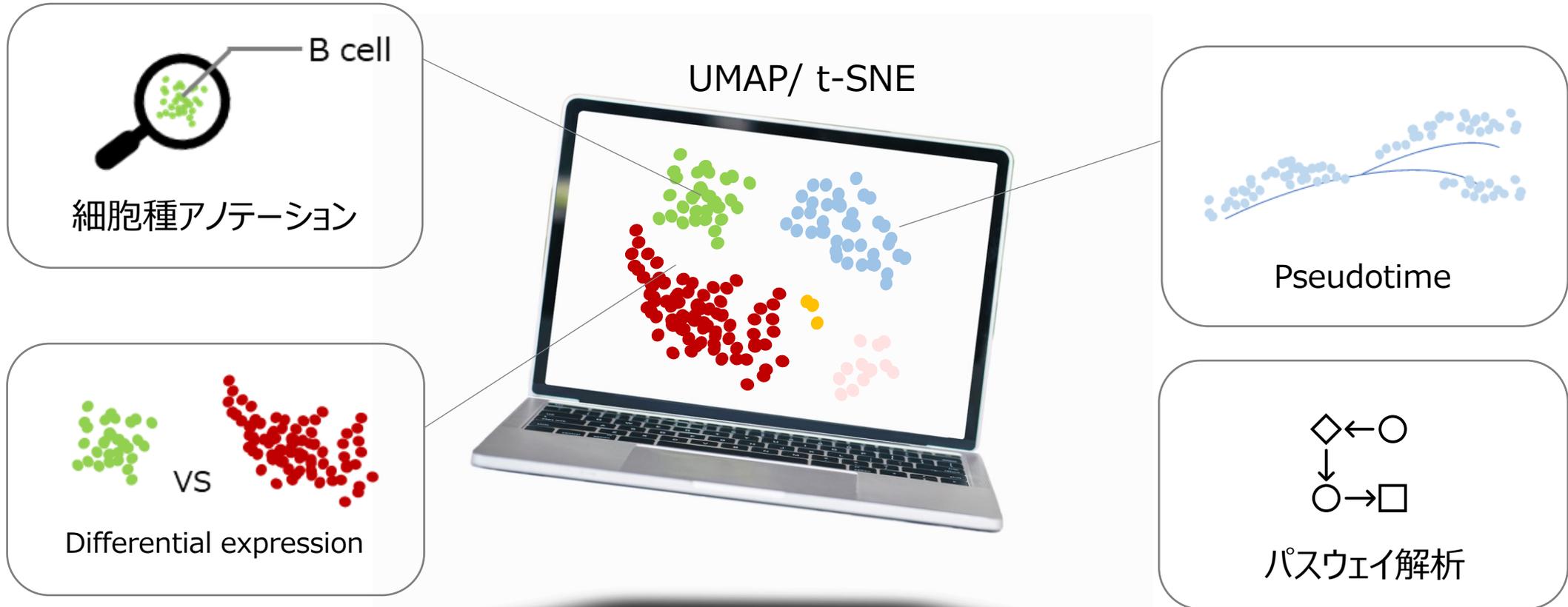
5 クラスタリング

6 細胞種のアノテーション  
下流分析



これらの解析フローをオープンソースツールで行うと...

- コマンドライン操作が必要  
OSに制限があったり使いこなすまで時間がかかる...
- 複数の解析ツールを使用するため煩雑  
この解析フロー以外にも下流分析の行うたびに別ツールを使用が必要...

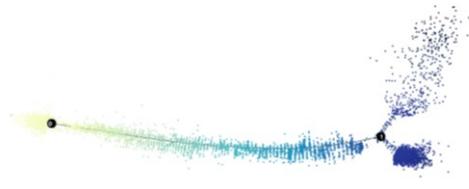


- 解析がパイプライン化  
データのインポートから下流分析まで

LET'S  
EXPLORE

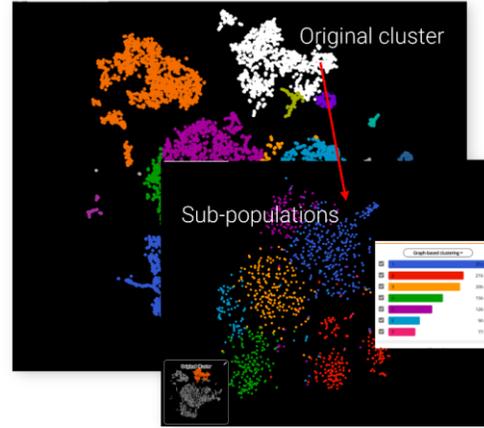
---





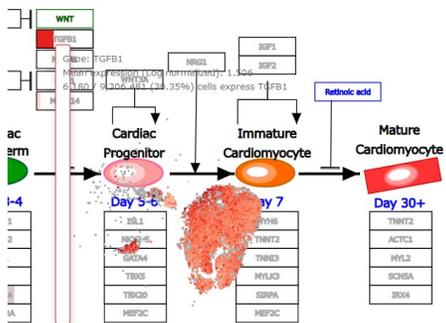
## pseudotime解析

分化経路の推定



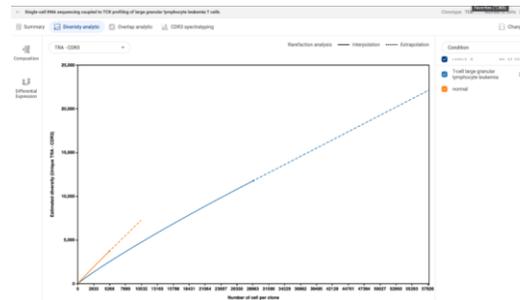
## サブクラスタリング

セルのグループを取り出し、それらを新しいデータのセットとして扱う



## Pathway

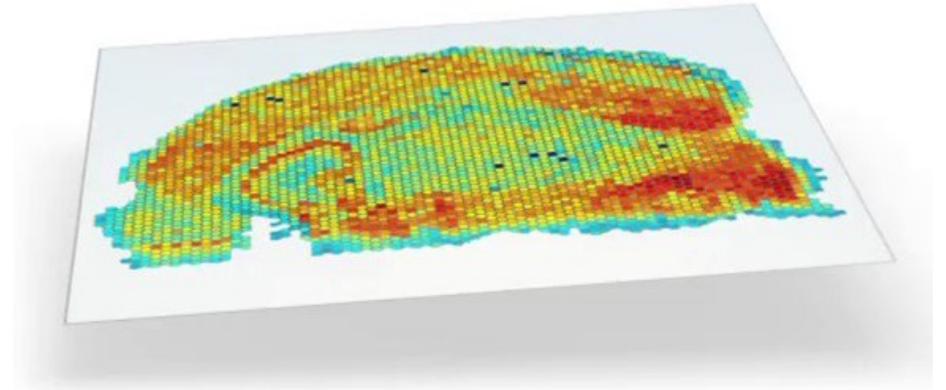
## エンリッチメント解析



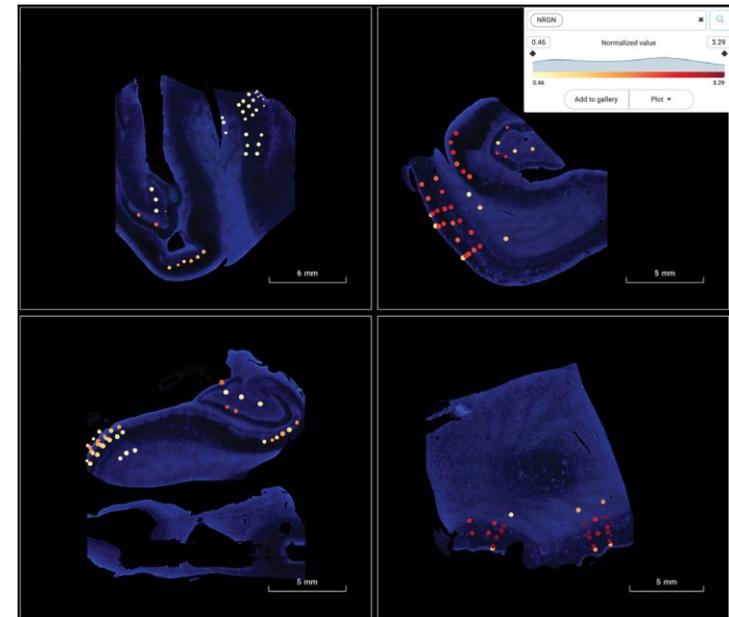
## Clonotype

TCR または BCRを遺伝子発現と関連付ける

- 空間トランスクリプトームデータを読み込み、データを簡単に視覚化および分析



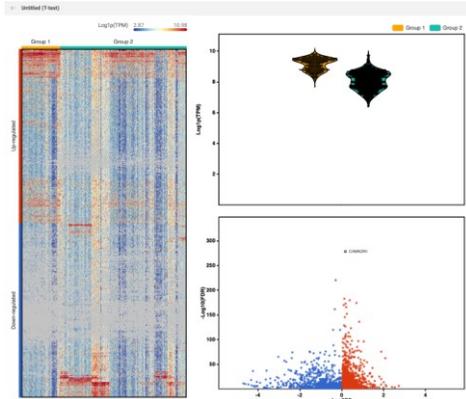
- 複数の画像を1枚のスライドにまとめて解析することで、サンプル横断的な分析が可能



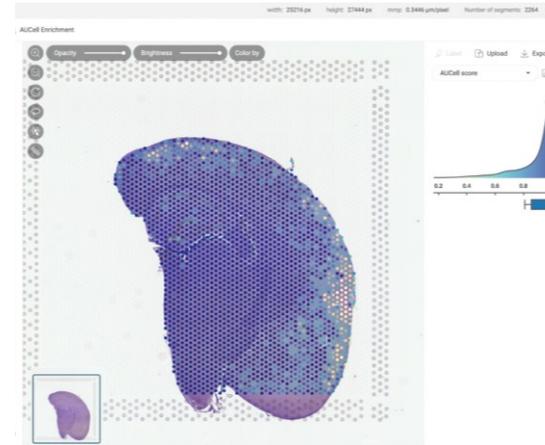
LET'S  
EXPLORE

---

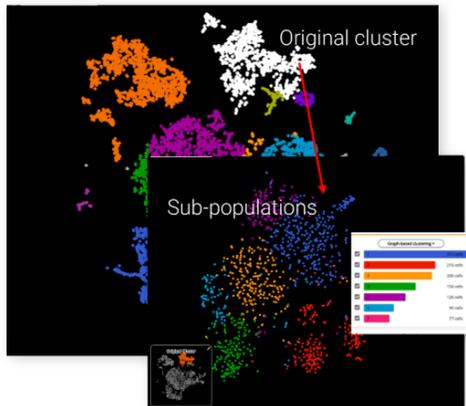




## Differential expression

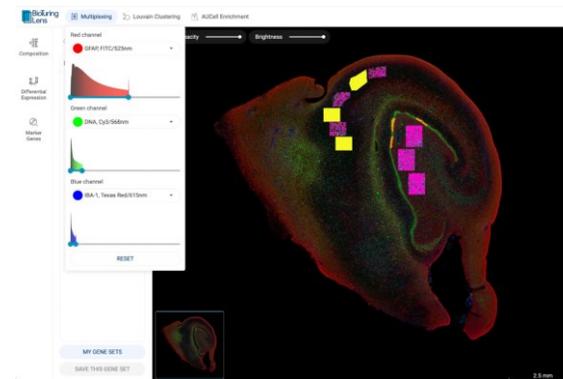


## AUCell enrichment



## サブクラスタリング

セルのグループを取り出し、それらを新しいデータのセットとして扱う (Visumデータ対応)



## MULTIPLEXING

Nanostring DSPイメージの3つのカラーチャンネルを調整

## 【シングルセル研究パブリックデータの閲覧・再解析】



- メーカーの収集したシングルセル研究データセットを使用した再解析
- 著者の論文をもとにすでにアノテーション付けされているのでスムーズに解析に移行できる

## 【遺伝子および細胞種の検索】



- メーカーのデータベース全体にわたるリアルタイムの遺伝子クエリ、共発現解析、および細胞種特異的遺伝子マーカーに関する情報を閲覧できる
- シングルセルRNA-seq情報の辞書引きのような機能

LET'S  
EXPLORE

---



# 簡単に解析

ユーザーフレンドリーなソフトウェアで、プログラミングの知識が無くても素早く解析でき、お客様の解析作業を強力にサポートします。



**お問い合わせ先：フィルジェン株式会社**

TEL 052-624-4388 (9:00～17 : 00)

FAX 052-624-4389

E-mail: [biosupport@filgen.jp](mailto:biosupport@filgen.jp)