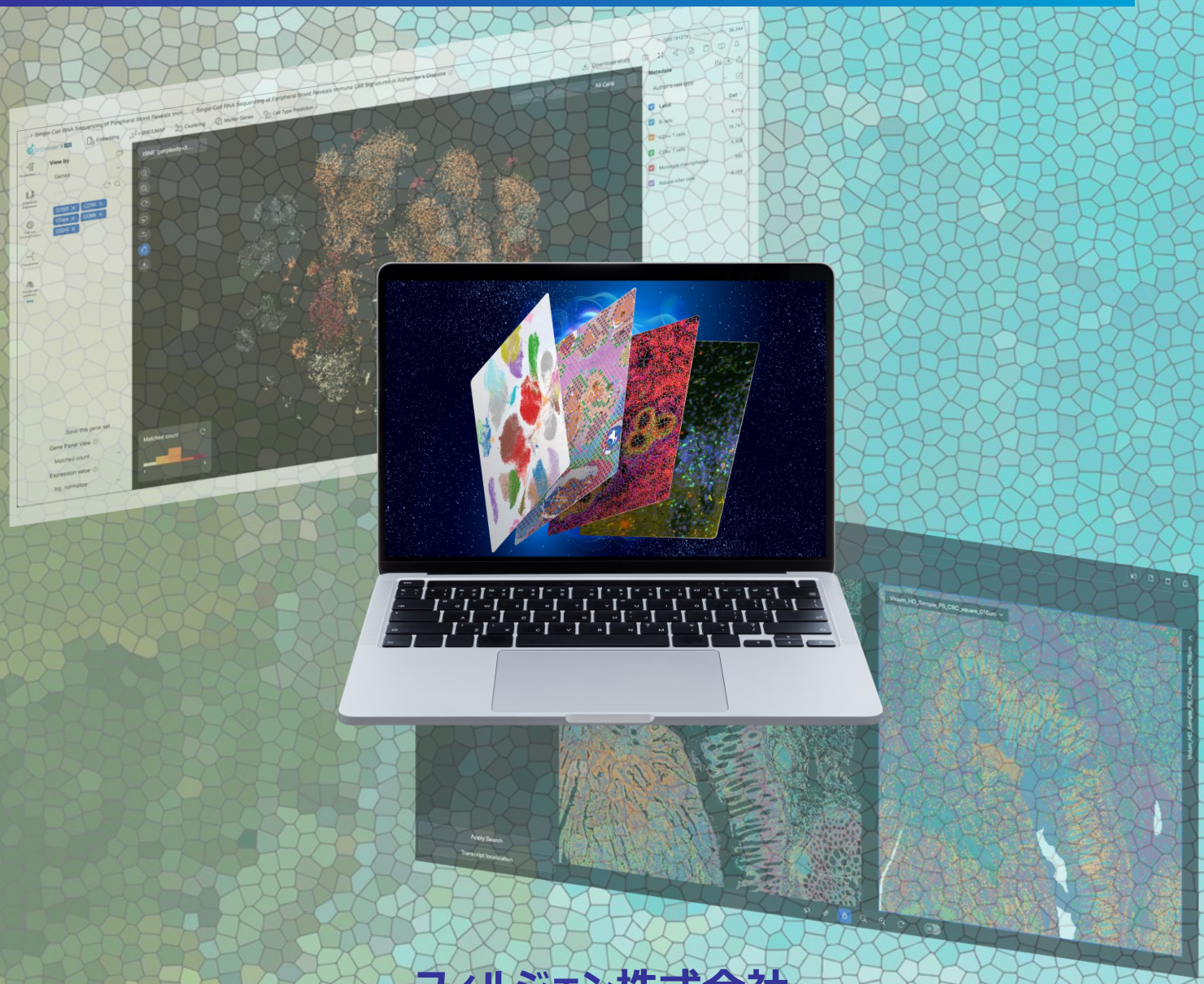
BioTuring™

シングルセル
空間オミックス
データ解析ソフトウェア

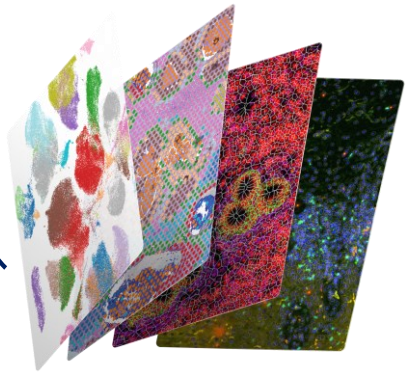


フィルジェン株式会社

ユーザーフレンドリーなクラウド解析型ソフトウェアです。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。シングルセルRNA-seqや空間オミックスデータ解析のための製品を販売しています。

BioTuring Ecosystem

誰でも使える先端解析ツールで、シングルセル・空間オミックス研究を次のステージへ



製品ラインナップ

BBrowserX PRO	**BBrowserX Pro** 個人データを使用したシングルセルRNA-Seqデータ解析
SpatialX	**SpatialX** 個人データを使用した空間トランスクリプトーム/プロテオミクスデータ解析
TALK2DATA	**Talk2Data** 公開されたシングルセル研究データの閲覧・再解析

コーディングの専門知識は不要

マウスやボタン操作で解析できるため、初めての方でも簡単にご利用いただけます。面倒なデータ処理を簡素化し、研究者が本当に集中すべき解析と考察に時間を使える環境を提供します。

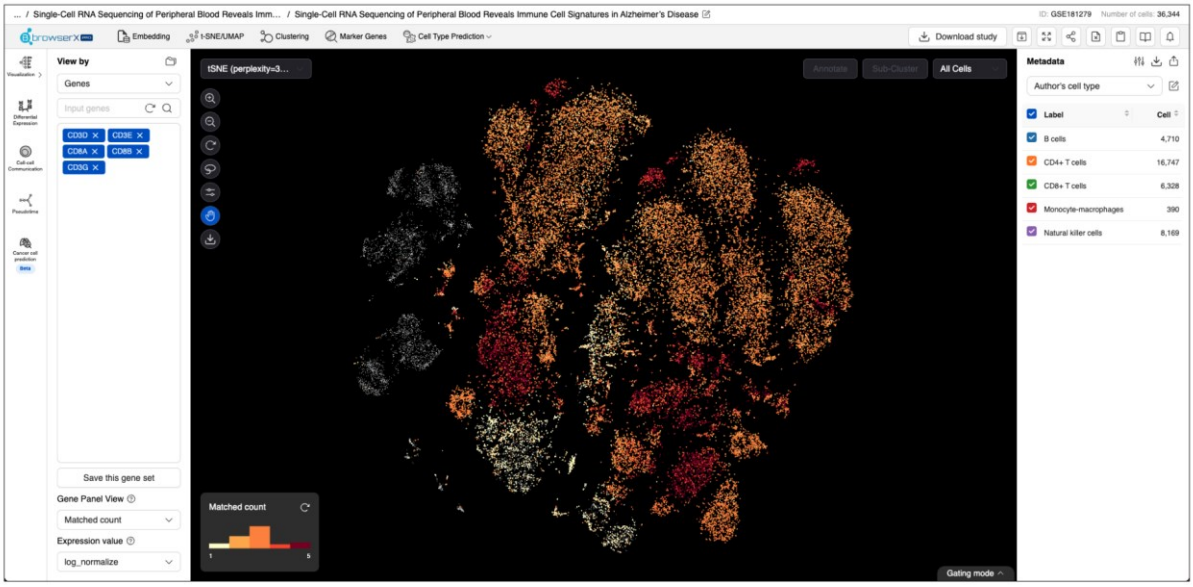
高価なPCは不要

メーカーのクラウド上で高速に解析・保管されるため、高価なPCの購入は不要です。さらにWebツールのため安定したインターネット接続があればどこからでも結果にアクセスし解析できます。

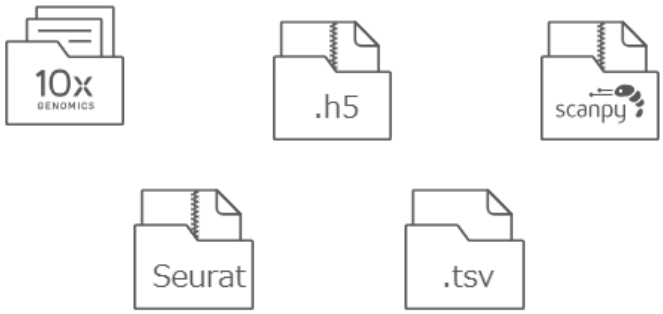
世界最大級の厳選されたシングルセルデータベース

1億個以上の細胞の情報を収集しており、多彩な細胞種やデータセットを含む独自のデータベースを構築しています。

ご自身でお持ちのシングルセルRNA-seqデータを使用した解析



- 高度な解析が、クリック操作で完結
- 1,000万個以上の細胞からなる大規模なデータセットのアップロードをサポート
- Scanpyパイプラインを基盤とし、Seuratの各種パッケージを補完



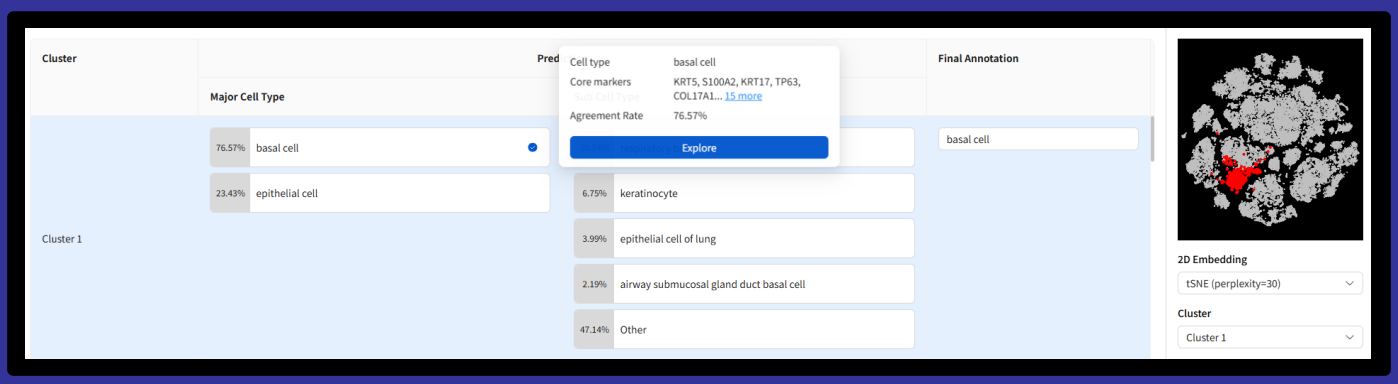
さまざまなシングルセルデータフォーマットをサポート

- CellRanger マトリックス
- CellRanger h5ファイル
- AnnData（.h5ad）オブジェクト
- Seurat（.rds）オブジェクト
- MuData（.h5mu）
- Parse BioScience出力データ
- フルマトリクス（TSV/CSV）

Cell type prediction 自動細胞種アノテーション

セルクラスターがどのような細胞種であるかをラベリングするアノテーションは、シングルセルRNA-Seq解析において重要なプロセスであると同時に、時間を要する解析のひとつです。

BioTuring社は、世界最大級の厳選されたシングルセルデータベースを構築しており、このデータベースを活用したマーカー遺伝子ベースの自動細胞種アノテーションをサポートしています。さらに、独自のデータセットから自動でアノテーションを付与することも可能です。



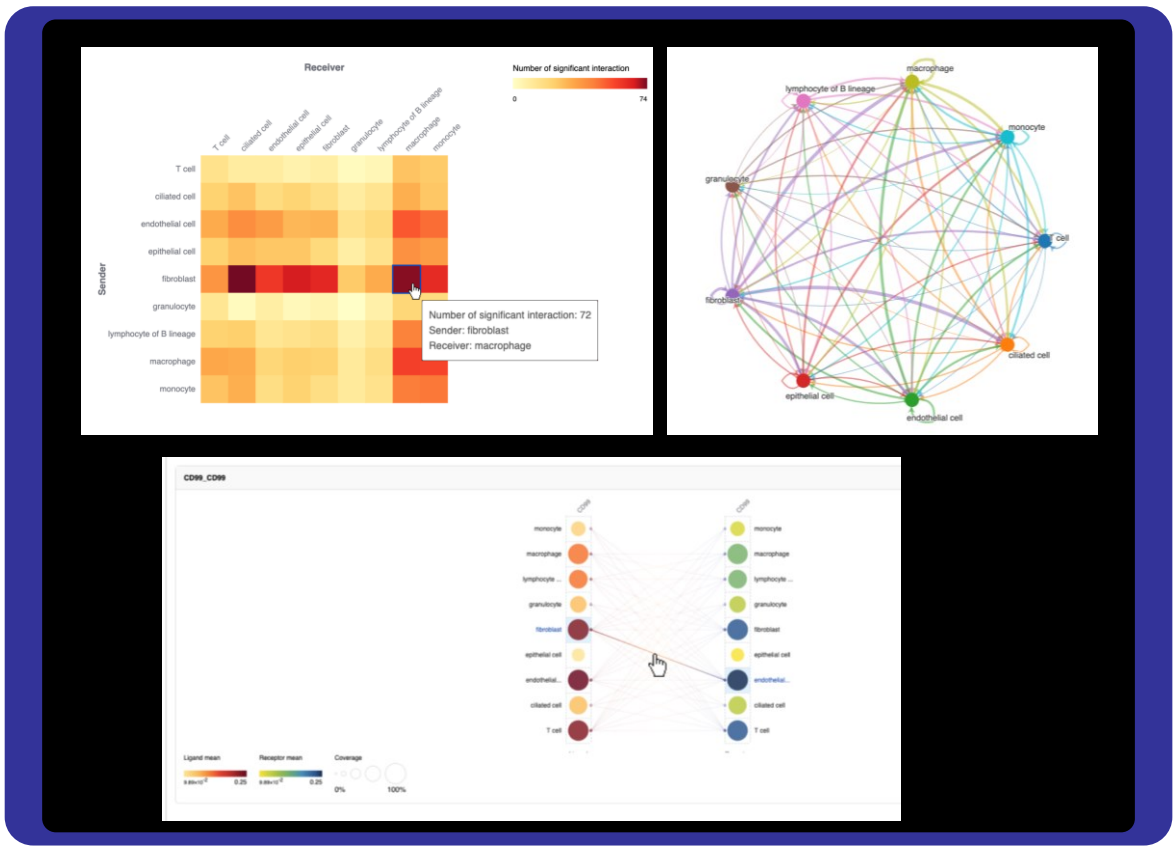
各クラスターについて、主要なマーカー遺伝子や研究概要、論文リンク、著者による細胞種アノテーション情報を確認でき、最終的なアノテーションの妥当性を慎重に評価することが可能です。

複数のモダリティの可視化

Multi-modal visualization

BBrowserX Proは、1つのt-SNE/UMAP内で複数のモダリティの可視化をサポートします。

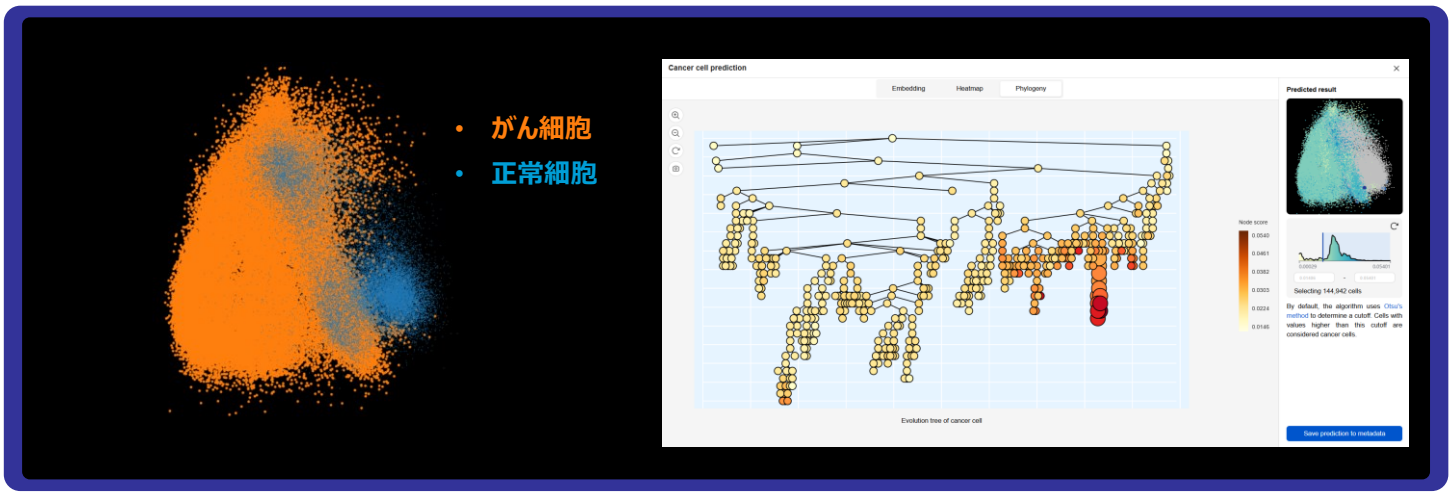
scRNA-seq：遺伝子発現情報
Perturb-seq：gRNA発現情報
CITE-seq：細胞表面タンパク質発現情報



Cell-cell communication　細胞間コミュニケーションの検出

細胞シグナル伝達は、細胞間レベルと細胞内レベルの両方で極めて複雑なネットワークであり、細胞周期の活性化、プログラム細胞死、細胞移動、分化といった様々な細胞プロセスの理解する上で極めて重要な役割を果たしています。

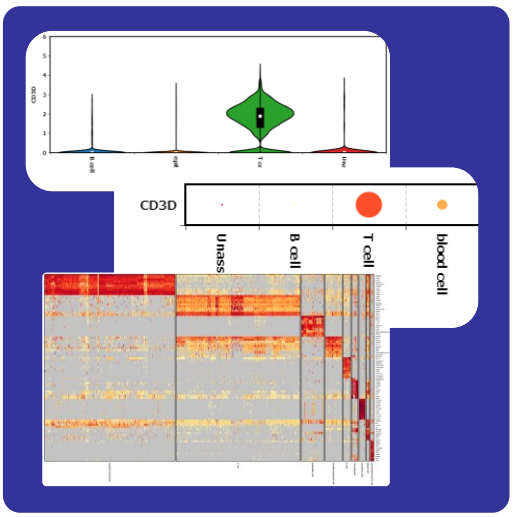
シングルセルデータには、遺伝子発現情報が含まれており、これを利用することで細胞間コミュニケーションを推定することができます。本ツールはCellChat（Jin, S., Guerrero-Juarez, C.F., Zhang, L. et al., 2021）アルゴリズムに基づいています。



Cancer cell prediction　がん細胞の予測

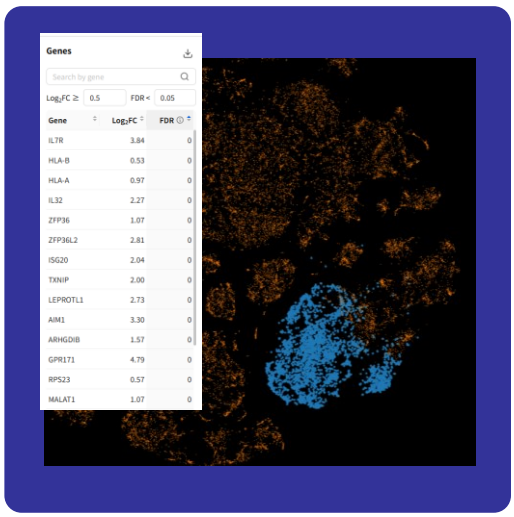
シングルセルRNA-seqデータセットでは、正常細胞とがん細胞が混在することが予想されます。したがって、腫瘍の生物学的性質を理解するには、これら2種類の細胞を区別する必要があります。

BBrowserX Proは、コピー数変異（CNV）に基づいてがん細胞を予測します。inferCNVパッケージを利用して、がんの可能性が高い細胞にCNVスコア（予測スコア）を割り当てます。がん細胞と正常細胞を分類するだけでなく、正常細胞がどのように徐々にがん細胞へと変化するかを調べることもできます。



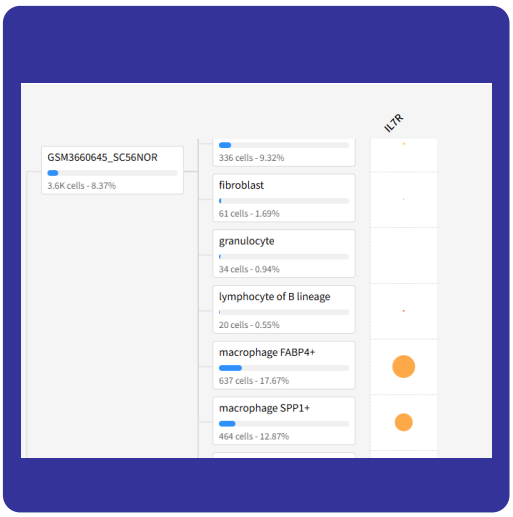
多彩な視覚化

バイオリンプロット、棒グラフ、ドットプロット、ヒートマップ、UpSetプロット



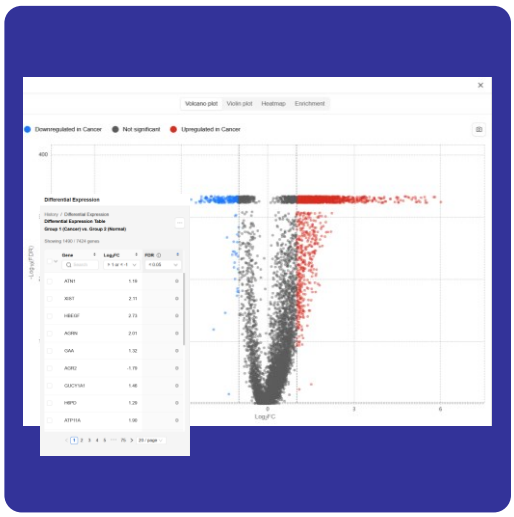
Marker genes

指定したクラスター内のシグネチャー遺伝子（発現量の異なる遺伝子）を発見



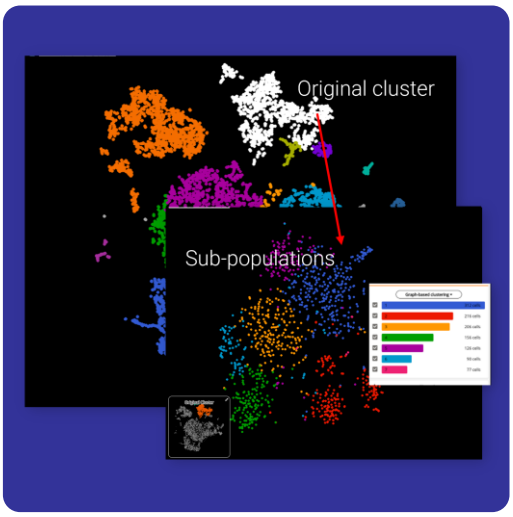
Composition Chart

複数の条件における細胞の組成と遺伝子発現の視覚化。例）各サンプルにおける細胞種の割合



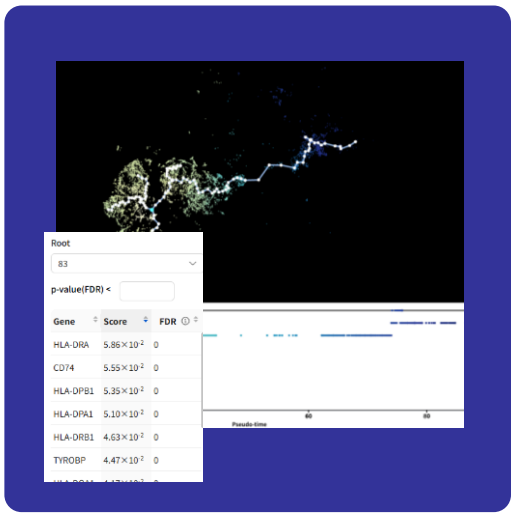
Differential Gene Expression

2群間で遺伝子発現を比較し高発現/低発現遺伝子を抽出



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

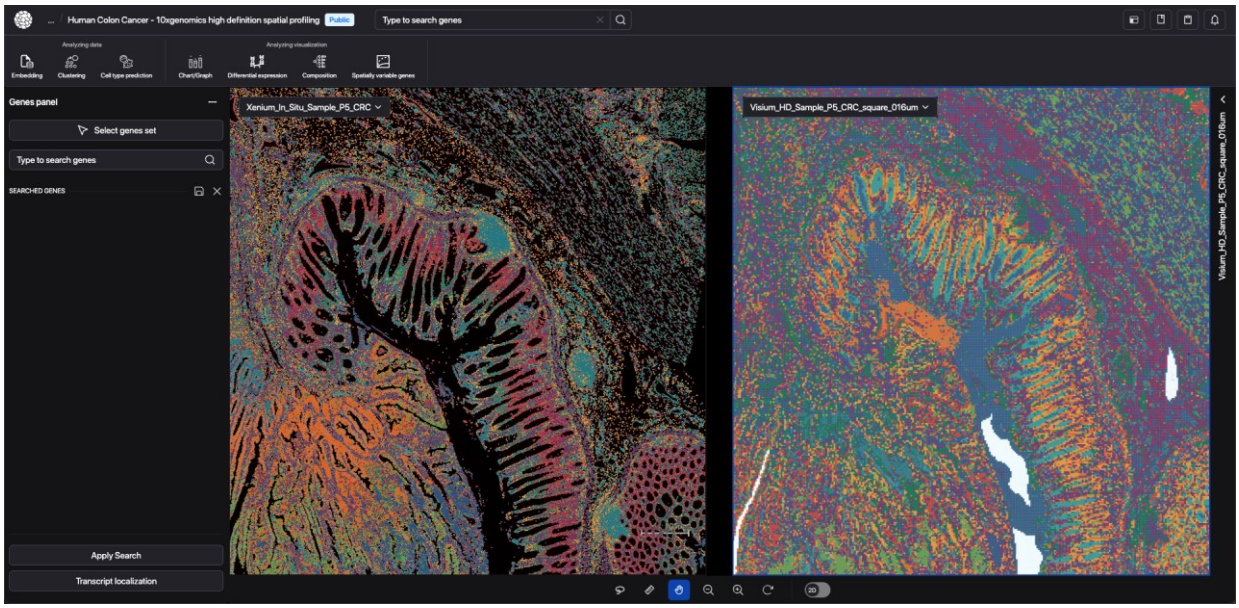


Pseudotime

細胞の発達における順序や分岐点を示す軌跡を生成し、生物学的プロセスにおける動的な細胞変化を可視化

SpatialX

ご自身でお持ちの空間オミックスデータを使用した解析



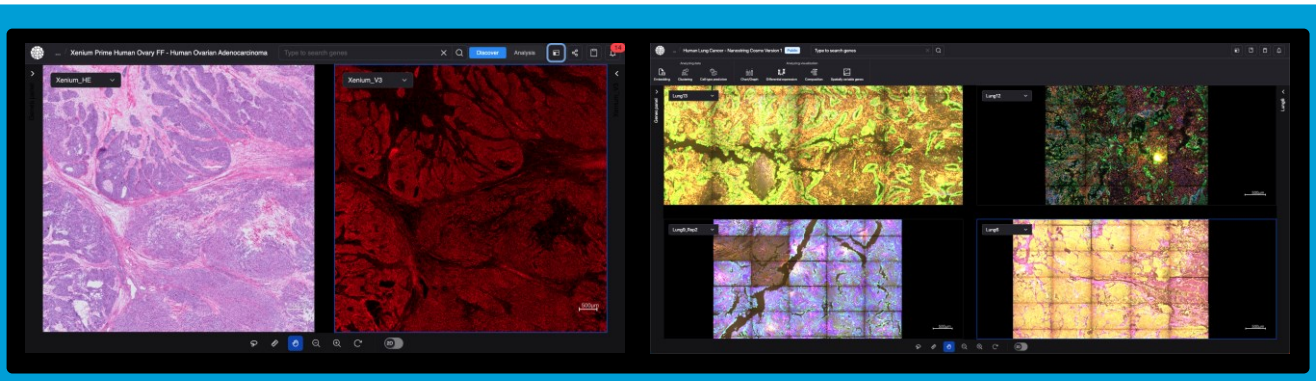
- 複数空間テクノロジーを1プロジェクトで統合
- 空間データを簡単に比較・解析
- 豊富なツールとアルゴリズム

さまざまな空間オミックスデータをサポート

Bulk Spatial	Single-Cell Spatial	Spatial Proteomics
10x Genomics Visium	NanoString CosMx (V1, V2)	PhenoCycler
10x Genomics Visium HD	Vizgen MERSCOPE (V1, V2)	CyCIF
Curio Bioscience Slide-seq	10x Genomics Xenium	COMET
	10x Genomics Visium HD (Single-cell)	Multiplex IHC
		NanoString CosMx proteomics

Multi-image and technology support 複数画像やマルチテクノロジーの表示

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、サンプル横断的な解析をスムーズに行うことが可能です。さらに、1つのプロジェクト内で複数の空間テクノロジーを表示することで、異なるテクノロジー間の比較が可能です。



異なる技術で作成された複数の画像を一度に視覚化するアプローチにより、空間データの利点を最大限に活用できます。

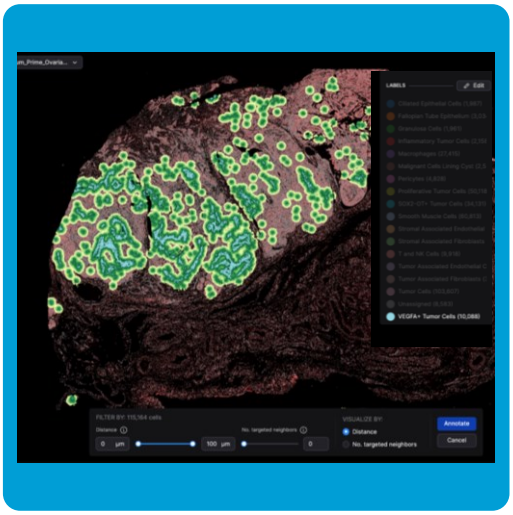
Region Segmentation 遺伝子転写と細胞座標に基づいて領域を定義し、パスウェイ解析を実行

本手法は、空間座標上での遺伝子の共局在パターンをもとに、機能的に異なる領域を自動的に分類します。これにより、各領域に特有の遺伝子モジュールを同定し、その領域で起こっている生物学的プロセスの理解が深まります。

結果として、「どのようなプロセスが起きているか」「それがどこで起きているか」といった、空間的な生命現象の解明に貢献します。

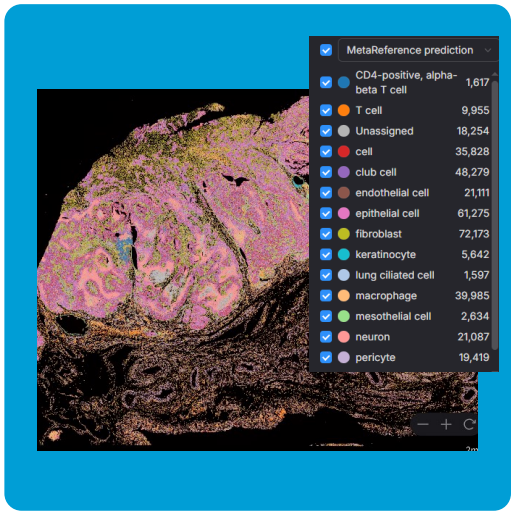
Neighborhood Analysis 細胞近傍を解析

セルやスポットのアノテーション後、空間エンリッチメントと近傍クラスタリングを解析することで、細胞同士の位置関係から新たな知見が得られます。特定の細胞種の共在傾向や、同種細胞の局所的な集積に注目します。



Distance Query

標的細胞の周囲にある特定の半径内の細胞集団を識別・解析

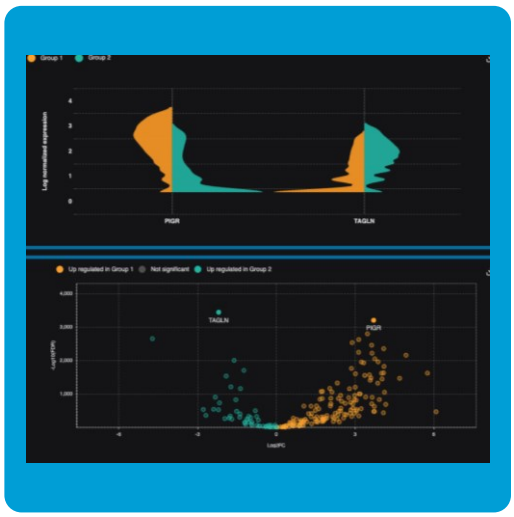


細胞種の自動予測

セルまたはスポットのクラスターがどのような細胞種であるかを自動でアノテーション

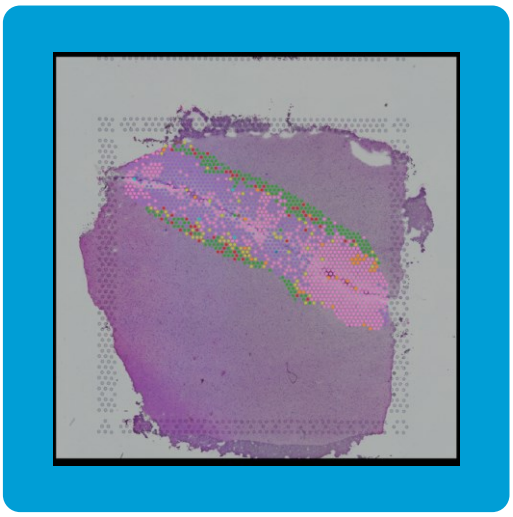
クラスタリング

類似した細胞をグループ化し、異なる細胞集団を視覚化



Differential Gene Expression

2群間で遺伝子発現を比較し高発現/低発現遺伝子を抽出



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

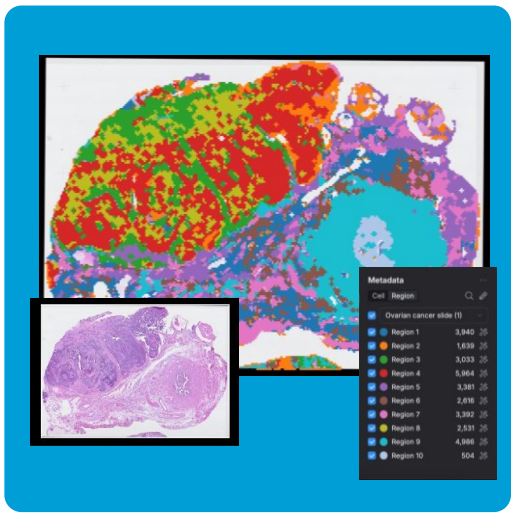
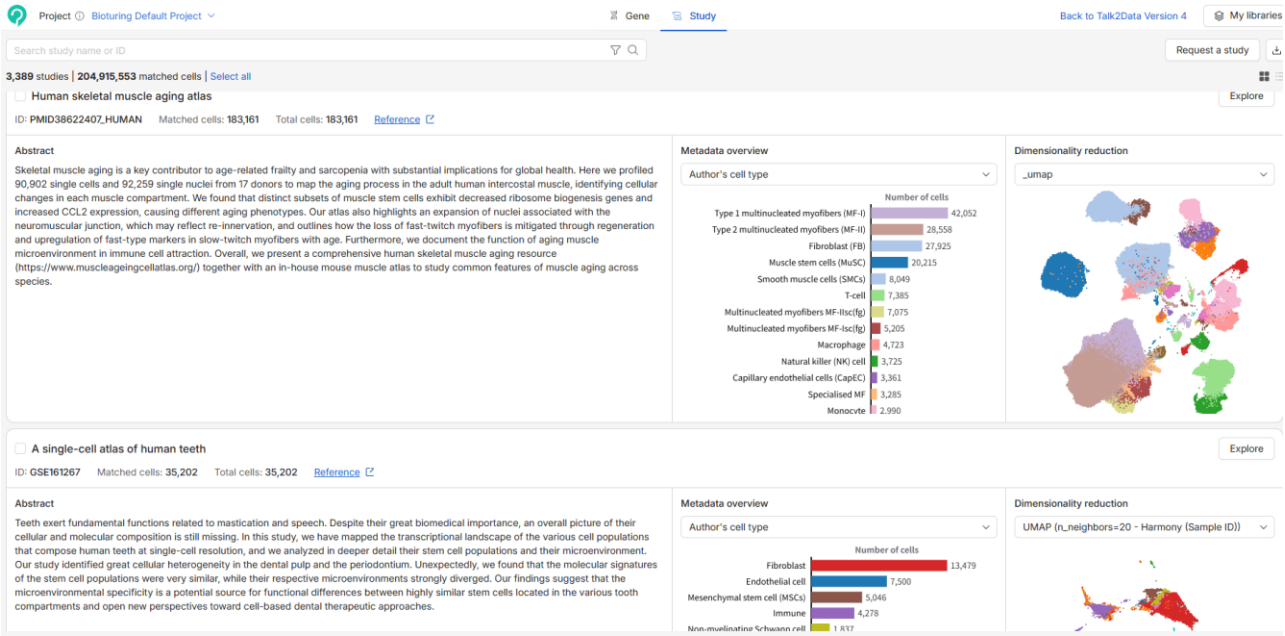


Image Segmentation

H&E 画像に病理学的アノテーションを付与

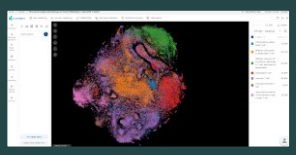
公開されたシングルセル研究データセットを探索

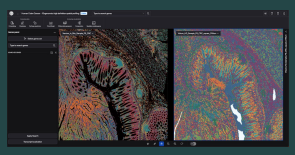


- **1億個以上の細胞を収容する世界的な大規模のシングルセルデータベース**
- **メーカーが収集したシングルセルRNA-Seq、空間オミックス研究データセットを簡単に閲覧・再解析**
- **遺伝子クエリ、共発現解析、および研究全体にわたる細胞種特異的遺伝子マーカーの特定**

複数のデータセットをリアルタイムで統合し、下流解析を実行できます。

- 炎症性腸疾患アトラスを作成するにはどうすればいいですか?
- 遺伝子Aはさまざまな細胞種、組織、条件でどのように発現するのでしょうか?
- 病気の状態ではどの細胞種が遺伝子を多く発現しますか?
- 病気 A と病気 B の細胞種構成の違いは何ですか?
- 特定の遺伝子と共発現する遺伝子は何ですか?
- ある細胞種を別の細胞種と区別するために使用できる遺伝子は何ですか?
- 正常状態と比較して、病気の場合にはどの遺伝子が高発現/低発現されるのでしょうか?





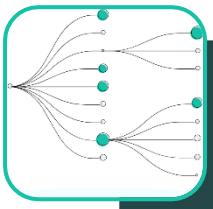
browserX PRO　SpatialX

【BioTuringパブリックデータの閲覧・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ます。

様々なカテゴリ（Tissue、Conditionなど）や遺伝子発現のパターンからデータセットを探索できます。

データセットへアクセスすると、in-houseデータと同じようにシングルセルデータセットのリアルタイム分析を可能にします。

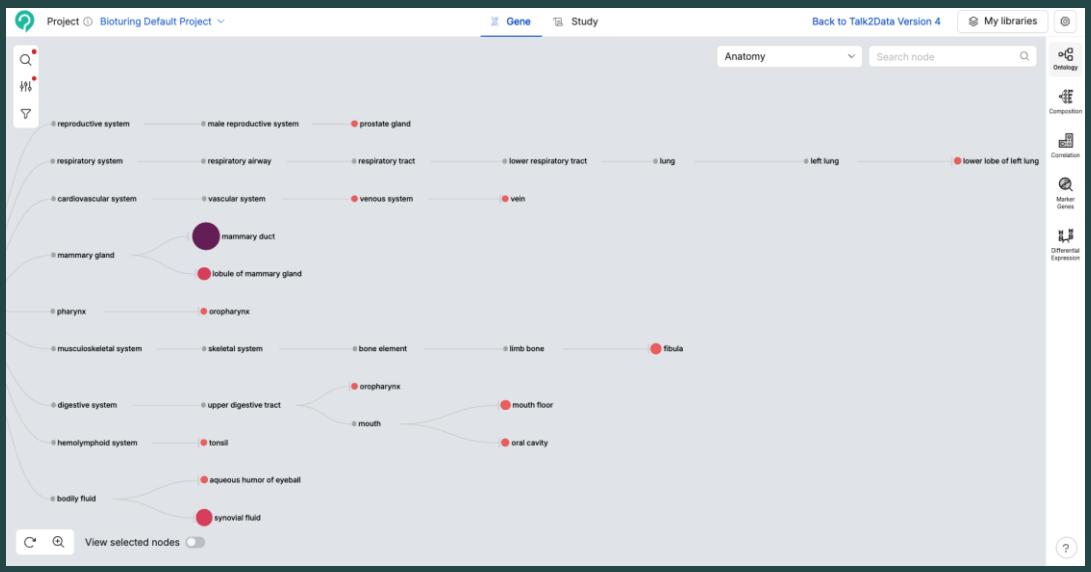


【データベース内の探索】

BioTuringデータベース全体における探索の他、複数の関心のある研究データをサブセット化して、カスタムアトラス（プロジェクト）を作成できます。データベースまたはアトラス作成後は希少細胞集団の構成、DEG、パスウェイエンリッチメント、相関関係、マーカー遺伝子の検出といった下流解析を実行できます。

例: IBD患者と正常対照研究を含む炎症性腸疾患プロジェクトを作成し、次のような探索が可能です。

- 遺伝子発現の検索: データベースまたはアトラス内
- 標的遺伝子発現解析：特定の細胞集団
- 細胞組成分析
- 遺伝子相関分析
- 細胞集団のマーカー遺伝子検出
- Differential expression analysis



上図はTalk2DataデータベースにおけるPDCD1のさまざまな組織での発現です。この遺伝子は乳管で多く検出されていることが分かります。

無料のデモライセンスを提供しています。まずは弊社までお問い合わせください。
TEL：052-624-4388　E-mail：support@filgen.jp

製造元

BioTuring Inc

4445 Eastgate Mall
Suite 200
San Diego、California、92121、US
http://www.bioturing.com

輸入販売元

フィルジェン 株式会社
バイオインフォマティクス部

【お問い合わせ】
〒459-8011　愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地
TEL：052-624-4388　FAX：052-624-4389
E-mail：support@filgen.jp　URL：https://filgen.jp/

代理店

(Jun.2025)