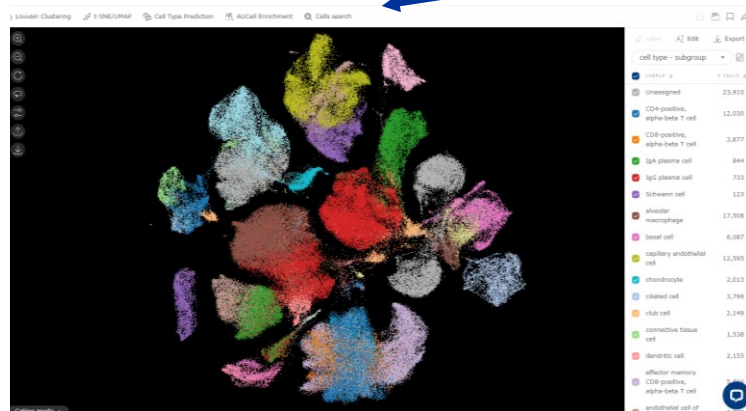
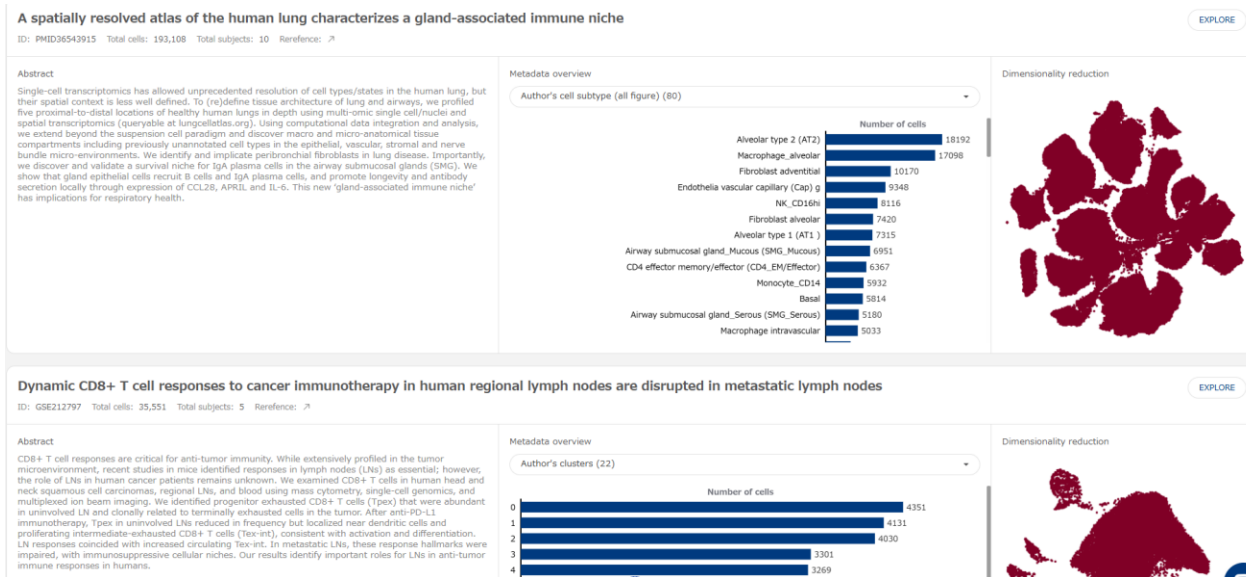




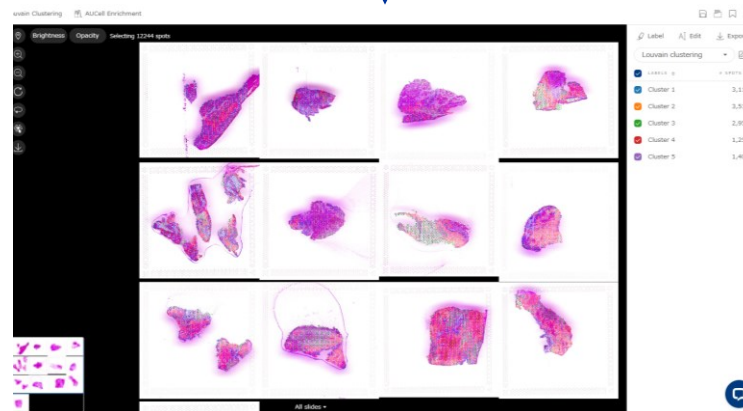
公開されたシングルセル RNA-Seq データの再解析 「皮膚がんのリスクとしての結節性痒疹の探索」



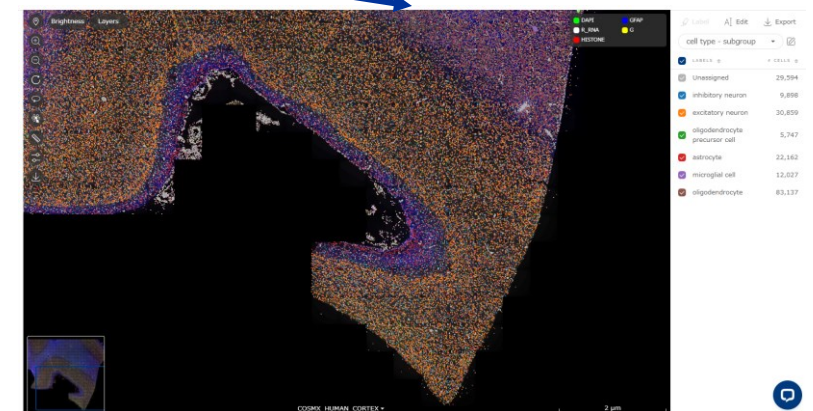
- 大規模のシングルセルデータベースを基盤に構築
- メーカーが収集したシングルセルRNA-Seq、空間オミックス研究データセットを簡単に閲覧・再解析
- 遺伝子クエリ、共発現解析、および研究全体にわたるcell type特異的遺伝子マーカーの特定



シングルセルRNA-Seq

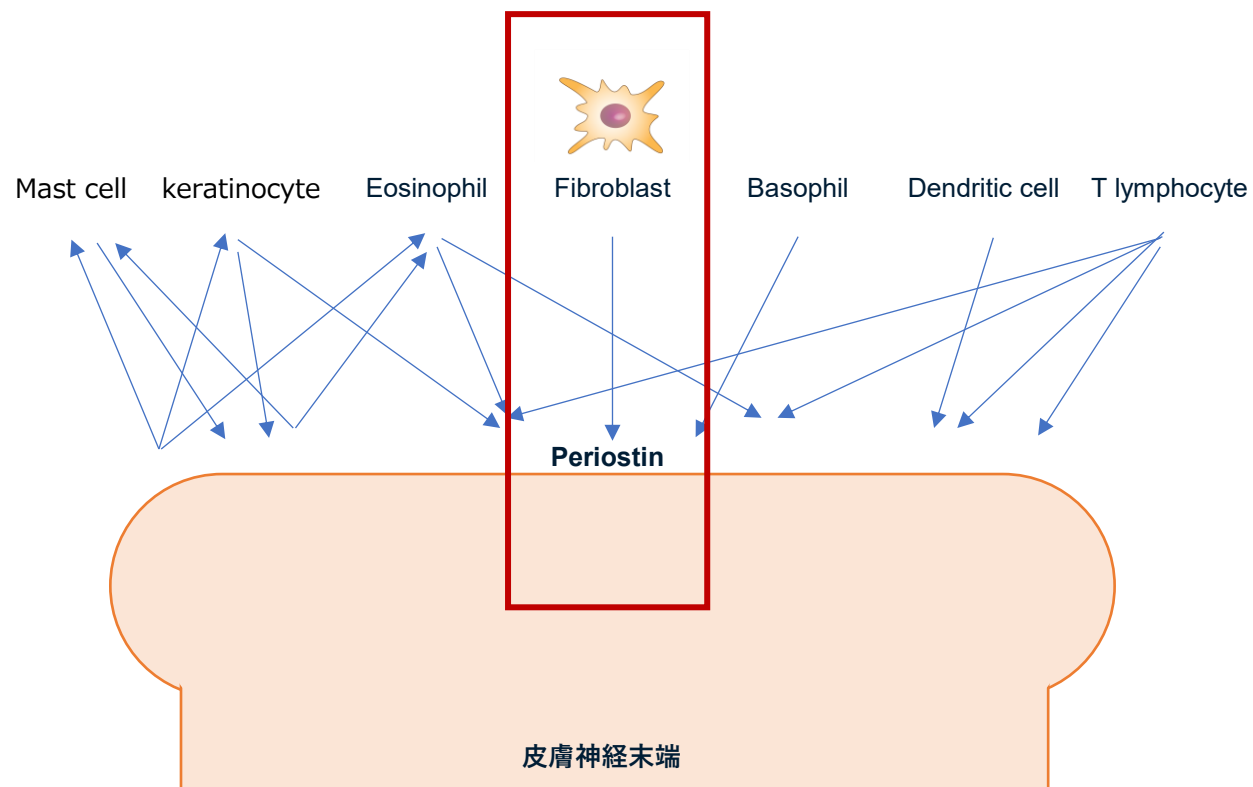


Bulk空間トランスクリプトーム



シングルセルレベル空間オミックス

結節性痒疹（PN） = 皮膚の疾患



- ペリオスチン（POSTEN）は創傷治癒などの組織再生に関与

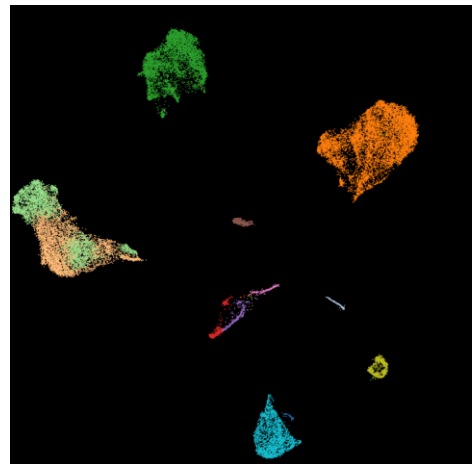
結節性痒疹における病変と非病変の比較

Single-Cell RNA Sequencing Reveals Dysregulated POSTN+WNT5A+ Fibroblast Subclusters in Prurigo Nodularis

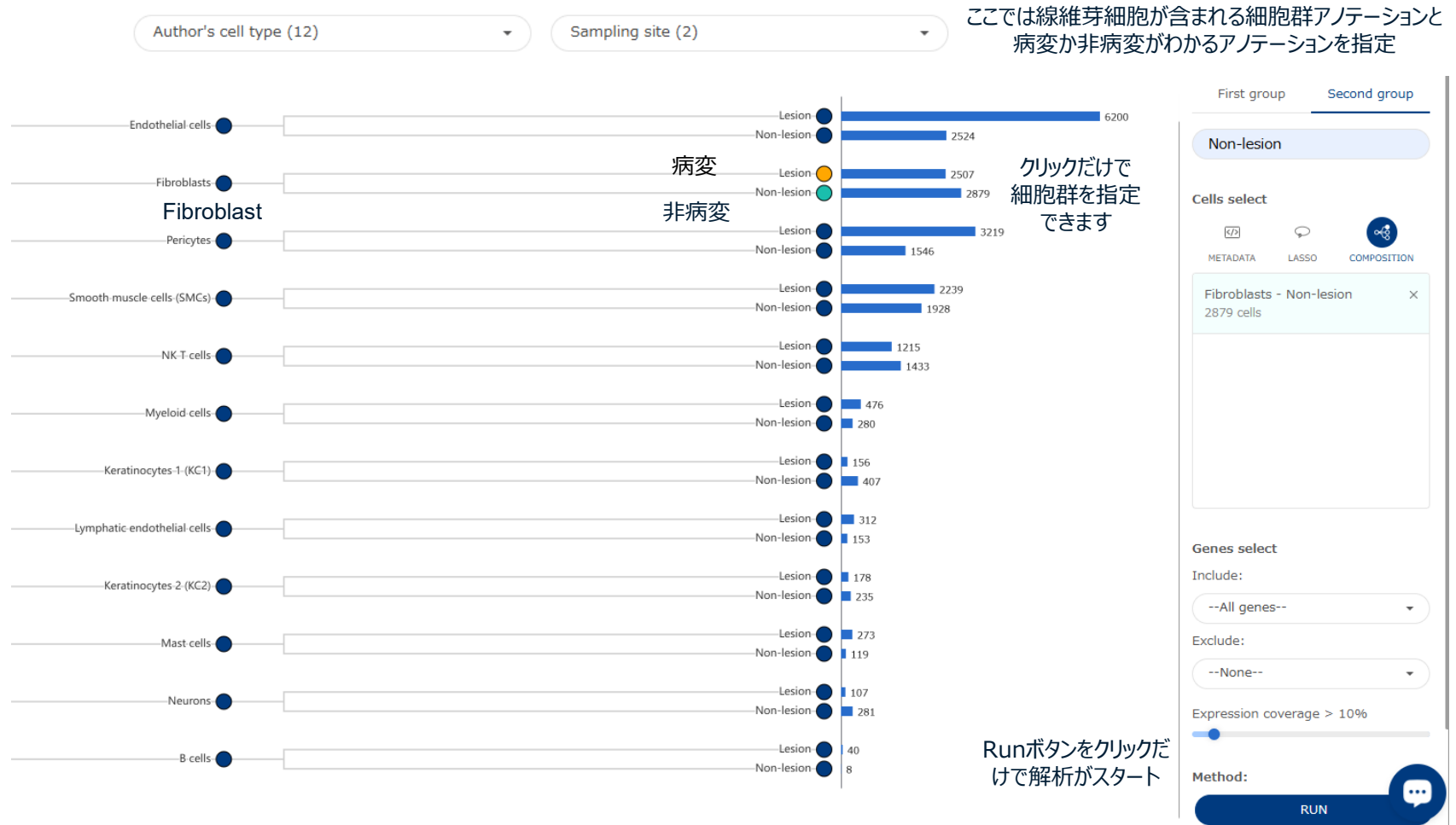
[Jay R. Patel](#)¹ · [Marina Z. Joel](#)¹ · [Kevin K. Lee](#)¹ · ... · [Xinzhong Dong](#)^{7,8} · [Sewon Kang](#)¹ · [Shawn G. Kwatra](#)^{1,9}   ... Show more

治療標的としての病変PNと非病変PNを区別する。

線維芽細胞内の病変細胞と非病変細胞を比較したい

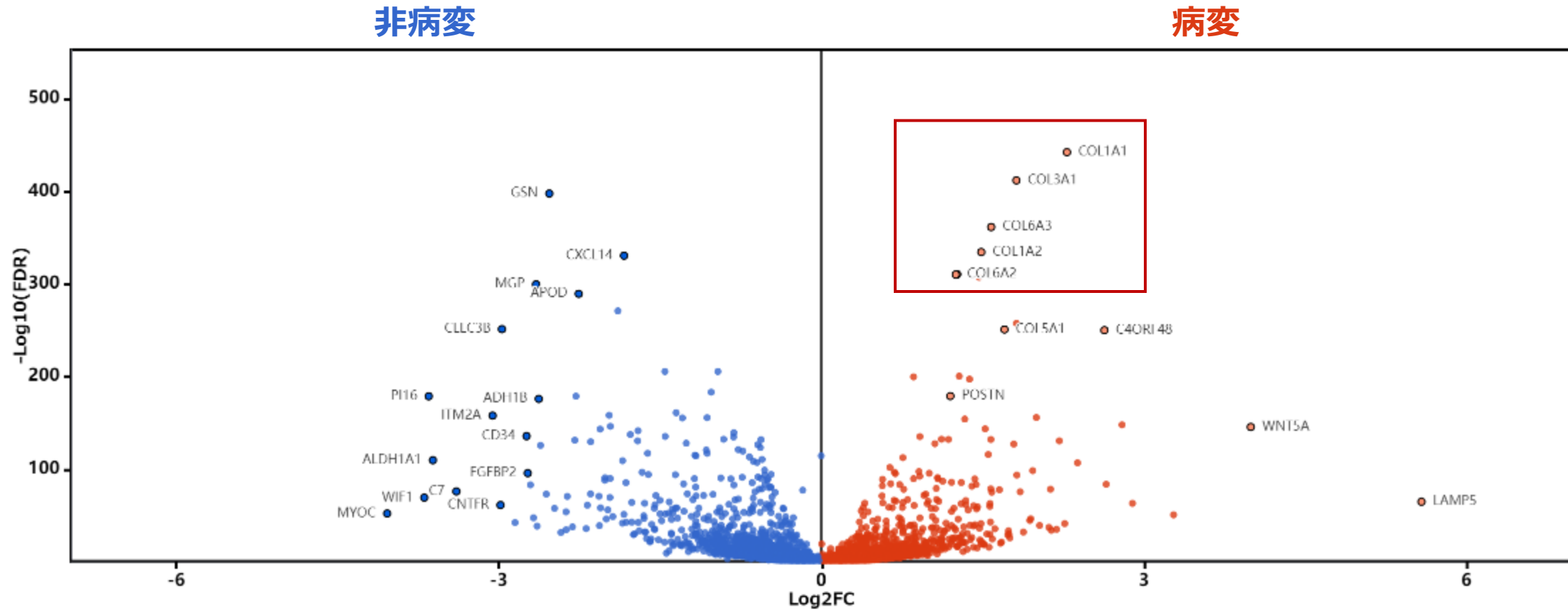


メタデータでは細胞群の指定ができない
あるいは比較のために新たにアノテーション
を作らないといけない



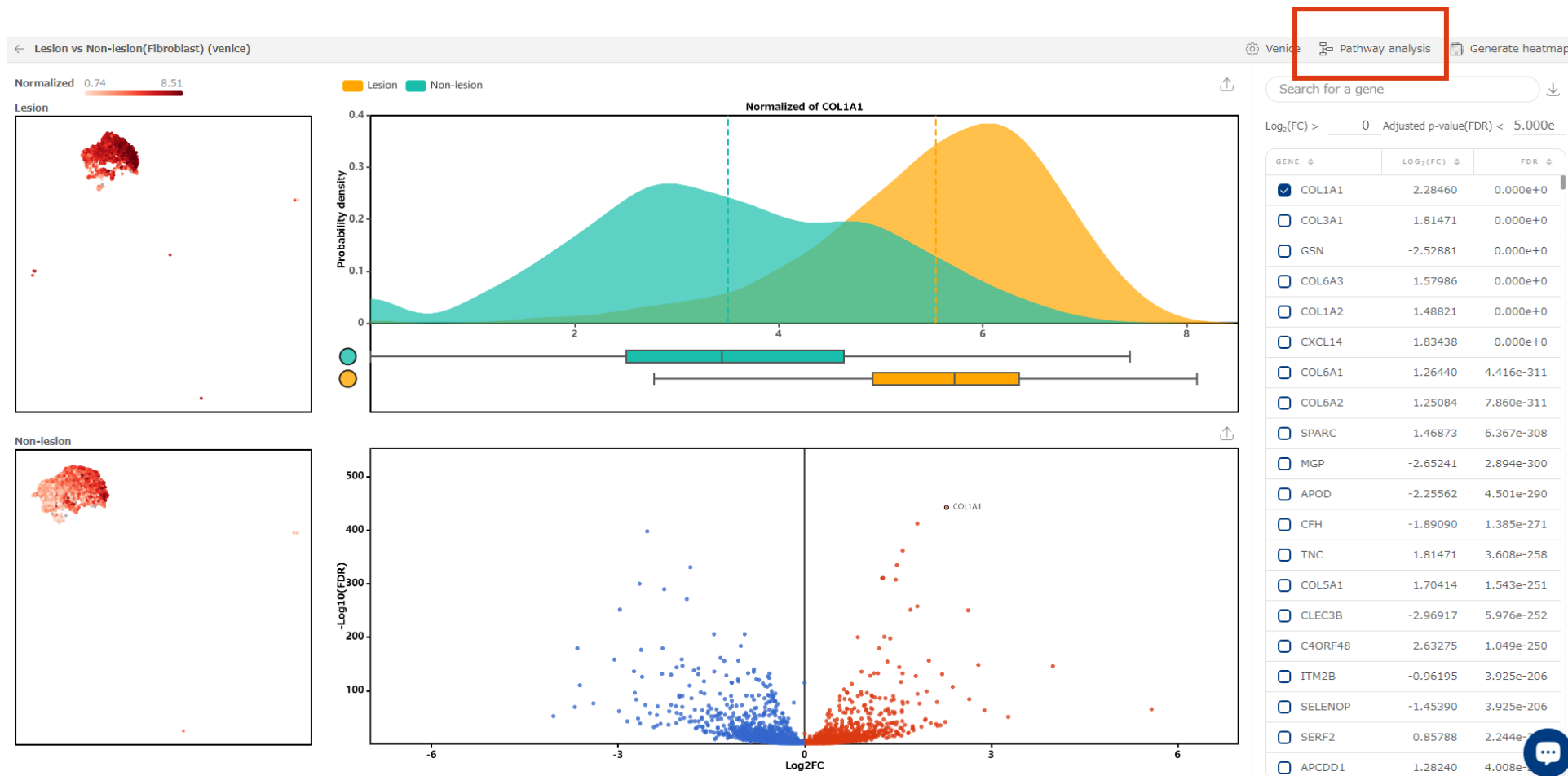
本ソフトウェアではメタデータを複数組み合わせ、特定の細胞群を簡単に指定できます。

結節性痒疹病変は線維芽細胞内のコラーゲン合成関連遺伝子が関与



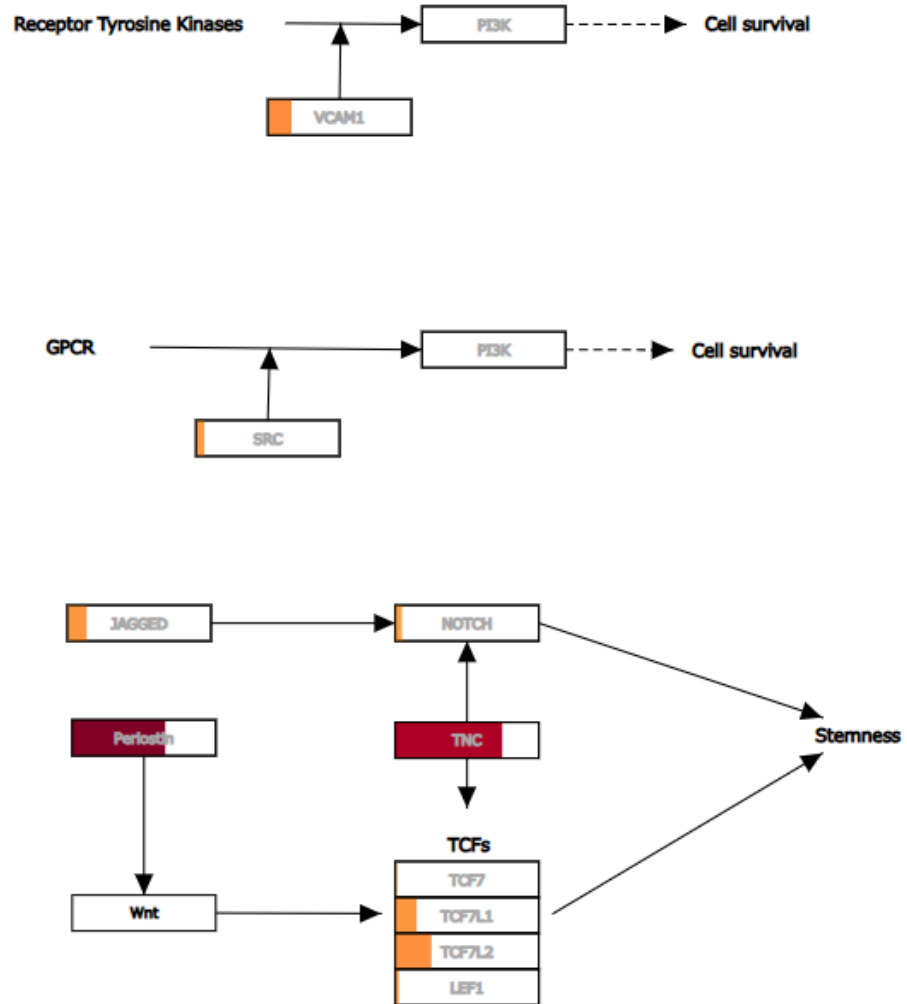
線維組織の過剰増殖によりかゆみを伴う結節が生じる

パスウェイ解析手順



Differential expression結果から直接アクセスできます。

Metastatic traits acquired by a quantitative gain in pathway output



病変グループで転移関連がん経路がエンリッチ

⇒病変性PNは がん とどのように関連しているか？

Components・Marker genes手順



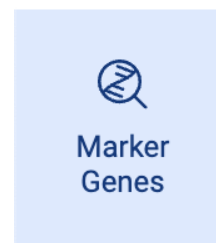
線維芽細胞のみ着目したい
→線維芽細胞を選択して

 Sub-clustering



Composition

内部の構成に含めたいメタデータを
Componentにグラフの要素をその隣
のプルダウンからメタデータ選択



Marker
Genes

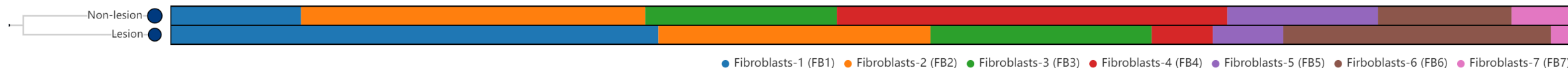
解析したいセルを選択状態にして、
アイコンをクリック

Components

Author's cell subtype ▼

Sampling site (2) ▼

PN病変でFB1が増加

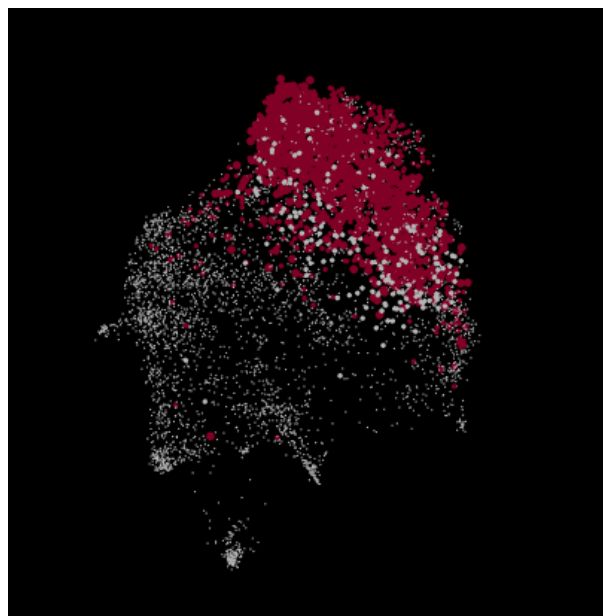


FB1

Maximum gene panel size

☐ Include negative genes

EXPRESS	F1 SCORE
COMP GEM NDUFB11	0.6577
NTM TYMP	



病変の創傷治癒に対応するECM機能と
血管新生に関連する遺伝子



Enrichment
Test

サブクラスタリングされた線維芽細胞から
アイコンをクリック

Title
Fiburo_lesion_site_c4cgn

Metadata level 1: IGA score (2) Metadata level 2: None Metadata level 3: None

Published gene sets Your gene sets

Group	Source	Version
☐ c3.tft.gtrd: GTRD subset of TFT Genes that share GTRD (Kolmykov et al. 2021) predicted transcription factor binding sites in the region -1000, +100 bp around the TSS for the indicated transcription factor.	MSigDB	v2023
☐ c4.all: computational gene sets Computational gene sets defined by mining large collections of cancer-oriented microarray data. The C4 collection is divided into two subcollections: CGN and CM.	MSigDB	v2023
☒ c4.cgn: cancer gene neighborhoods Gene sets defined by expression neighborhoods centered on 380 cancer-associated genes. This collection is described in Subramanian, Tamayo et al. 2005.	MSigDB	v2023
☐ c4.cm: cancer modules Gene sets defined by Segal et al. 2004. Briefly, the authors compiled gene sets ("modules") from a variety of resources such as KEGG, GO, and others. By mining a large compendium of cancer-related microarray data, they identified 456 such modules as significantly changed in a	MSigDB	v2023

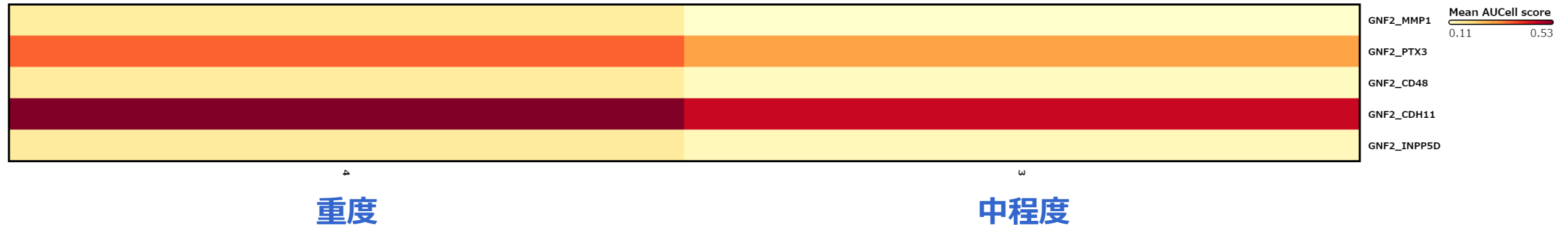
GENERATE ENRICHMENT

どのグループでエンリッチメント解析するか
メタデータより指定

遺伝子セットを指定します。

MSigDB データベースから利用可能なすべての
遺伝子セットを収集しています。

重度のPN病変は、がん経路における遺伝子発現の上昇と相関する



がんのリスクはPN病変の重症度に応じて増加する

1. 結節性痒疹の病変は皮膚がん経路と関連するが、非病変は関連しない。
2. 病変ではFB1線維芽細胞サブタイプの増加が見られ、創傷治癒に対応する。
3. がんのリスクは、病変の重症度が高くなるにつれてさらに増加する。
したがって、線維芽細胞を標的とした治療アプローチがリスクを軽減する可能性がある。

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: support@filgen.jp