



シングルセル 空間オミックス データ解析プラットフォーム



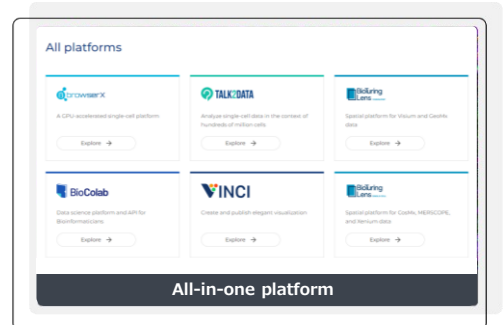
フィルジエン株式会社






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。シングルセルや空間オミクスデータ解析のための製品を販売しています。

BioTuring Ecosystem

革新的なプラットフォーム



製品ラインナップ

	<p>BBrowserX 個人データを使用したシングルセル RNA-Seq データ解析</p>
	<p>BioTuring Lens 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</p>
	<p>Talk2Data 公開されたシングルセル研究データの閲覧・再解析</p>

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、はじめてでも簡単に使用することができます。

解析がパイプライン化

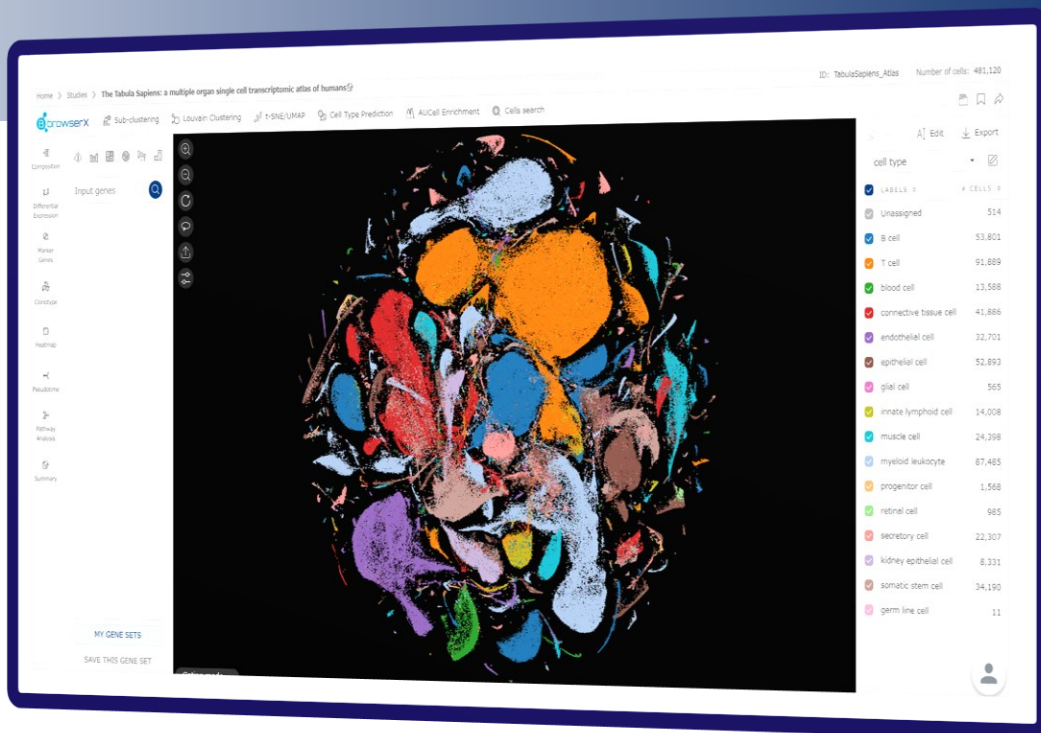
最低限のパラメータ設定で解析を実行できます。個人データを使用した解析の場合、指定のファイルをアップロードしフィルタリング条件を決めるだけで、次元削減プロットを作図できます。

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、多彩なセルタイプ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。

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。



- ✓ クラウド型解析プラットフォーム
- ✓ 高度に最適化されたGPUアルゴリズム(Seuratの1000倍高速)
- ✓ 百万セルのデータセットを数分で処理

様々なシングルセルデータフォーマットをサポート



Cell Ranger マトリックス
(features.tsv、barcodes.tsv、matrix.mtx)

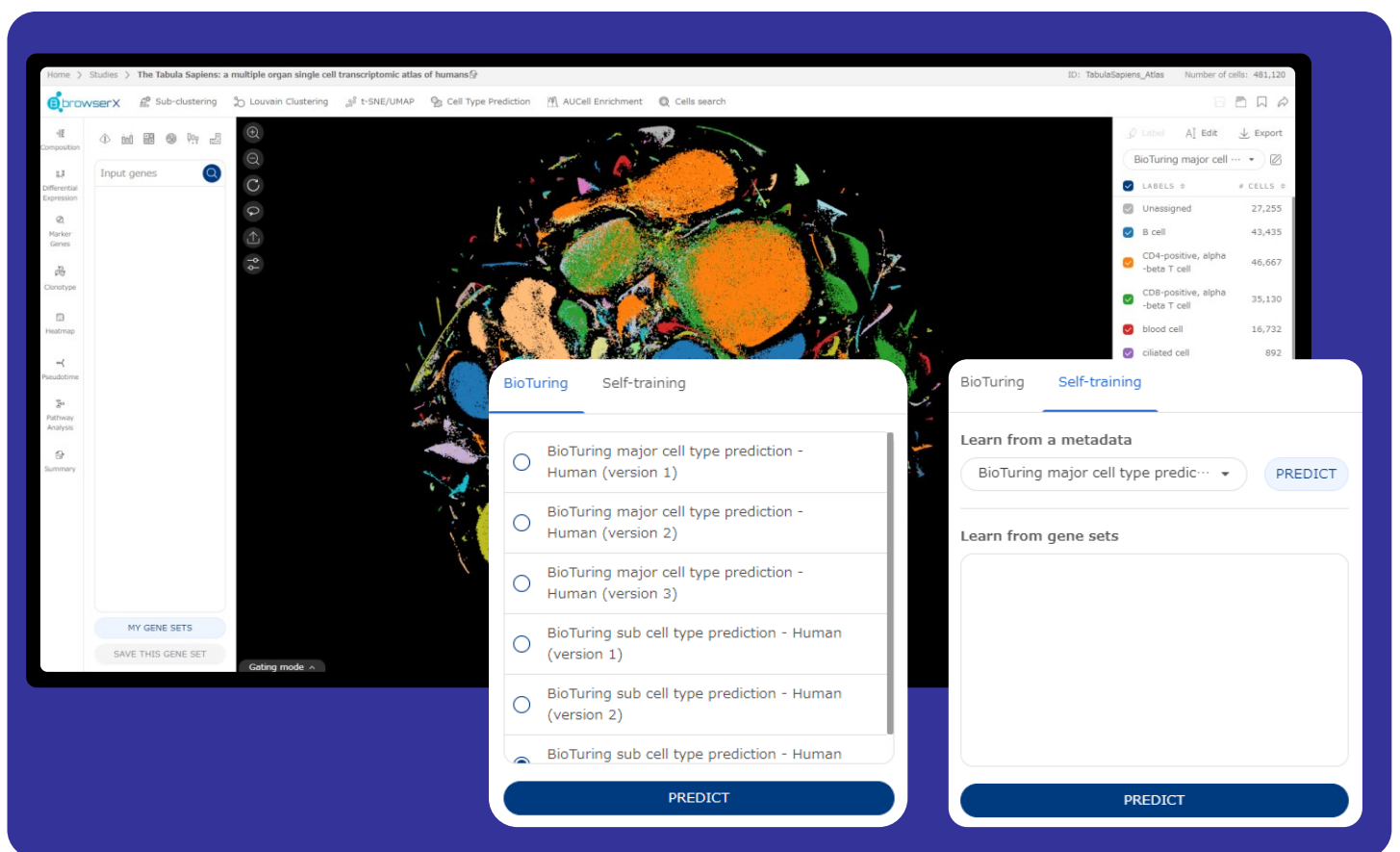
Cell Ranger h5ファイル

Scanpy (.h5ad) オブジェクト

Seurat (.rds) オブジェクト

フルマトリックス (TSV/CSV)

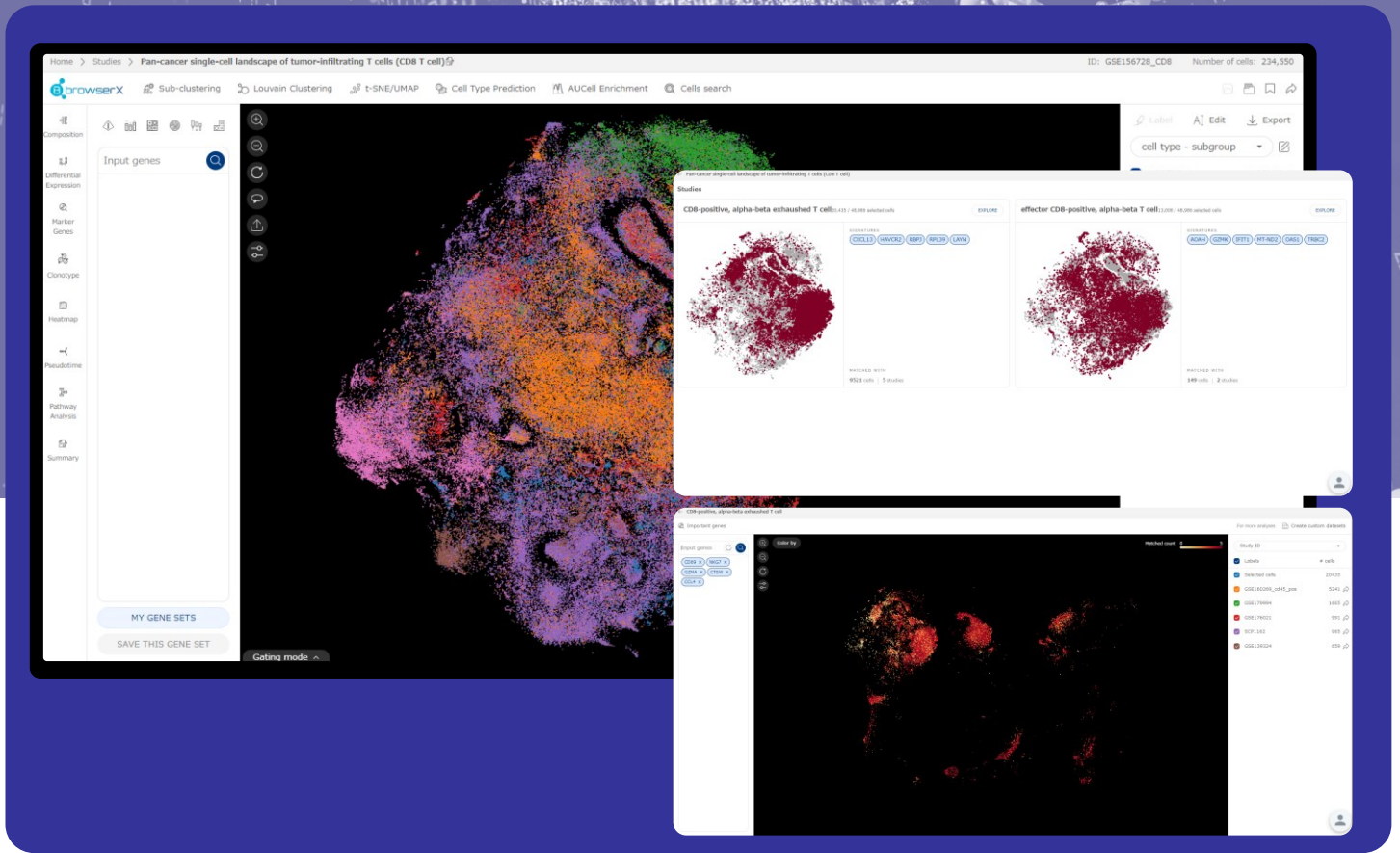
BioTuring データベースを 活用した高度な機能



Cell type prediction

BioTuring社の包括的なデータベースに基づいて構築された自動 Cell Type 予測機能です。クリックだけで Cell Type の予測を行うことができます。

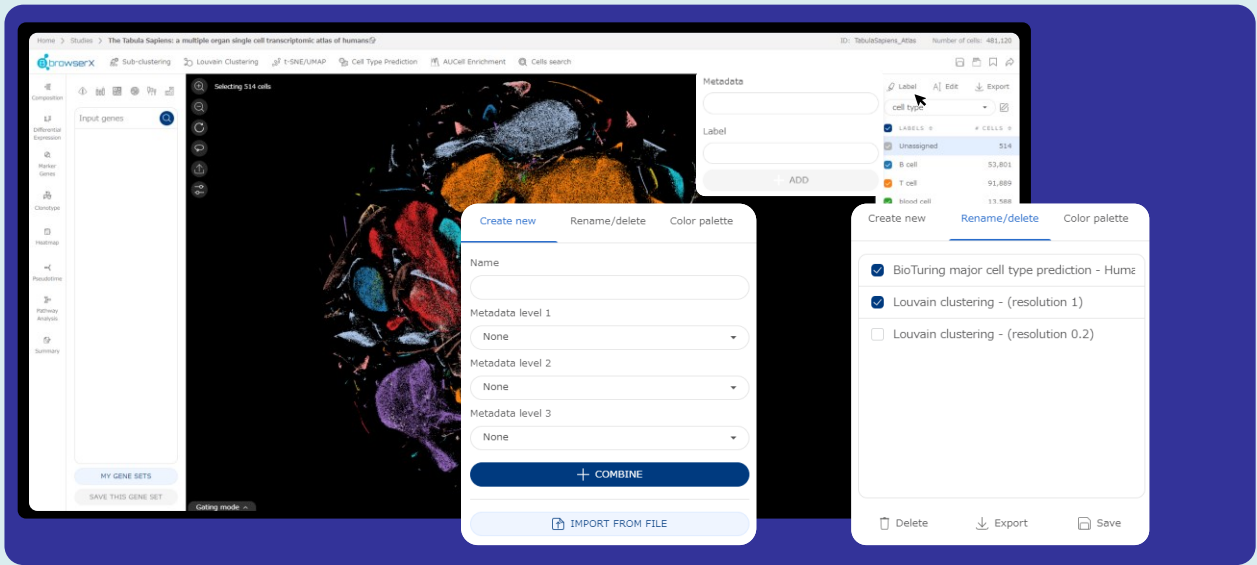
Cell type predictionは、1 億を超えるシングルセルの包括的なBioTuringデータベースに基づいて構築されています。現在、54 種類の細胞と 183 種類のサブタイプを分類することが可能です。新しいサブタイプが継続的に追加されます。



Cell search

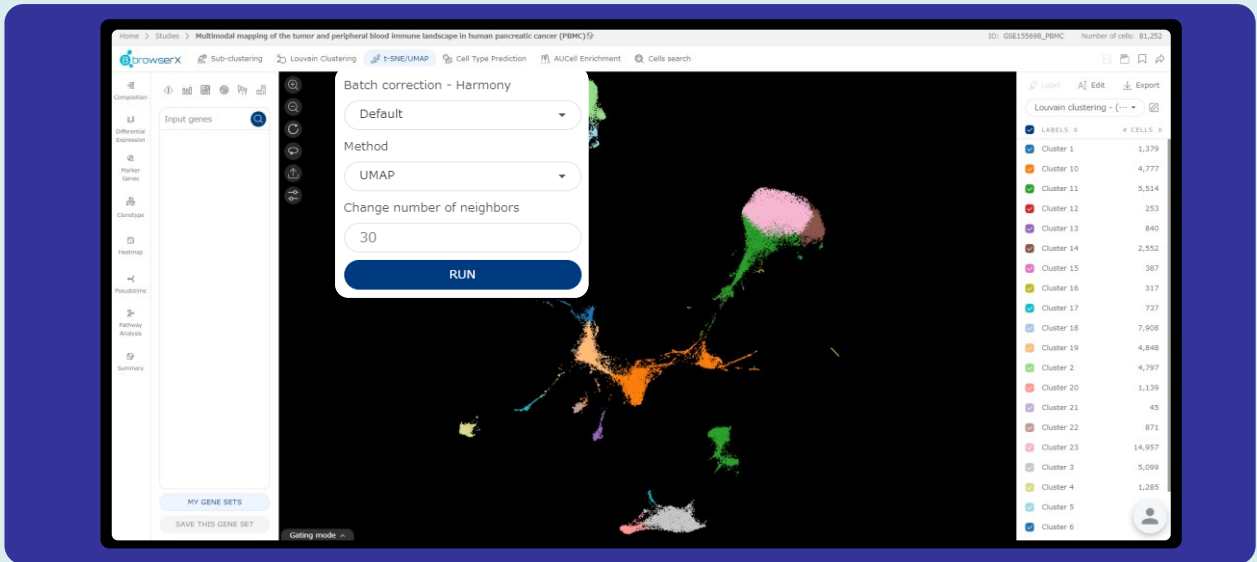
Cell search 機能は、数百万の細胞のデータベース全体を参照して、選択した集団と類似した特性または生物学的シグネチャーを共有する細胞集団を引き出すことができます。

アルゴリズムは、著者によるアノテーションではなく、数百万の細胞の中から各細胞の発現プロファイルに基づいており、手元にあるデータを最大限活用するのに役立ちます。



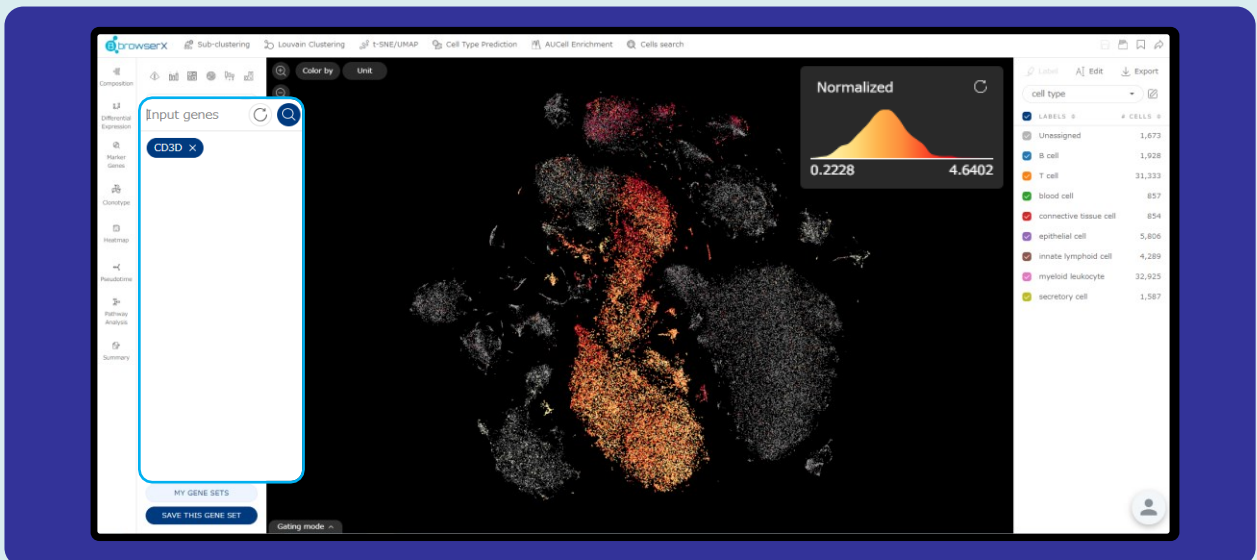
メタデータ マネジメント

メタデータをインポート、作成、編集、マージできます。



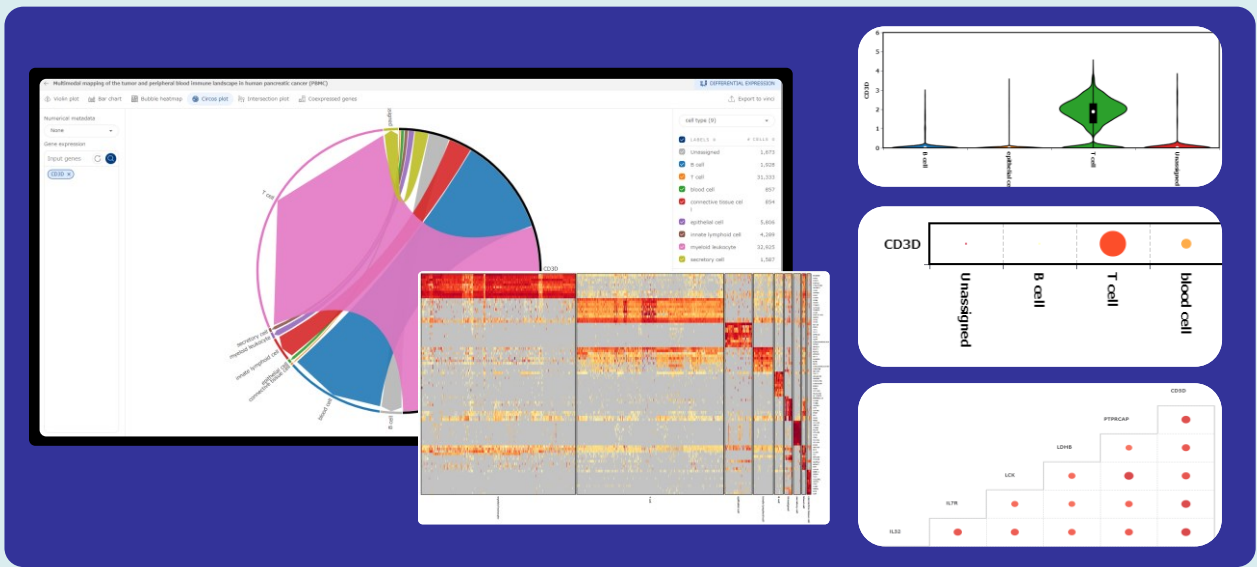
次元削減プロット

・Louvain clustering ・UMAP、t-SNE (sklearnよりも1000倍高速)



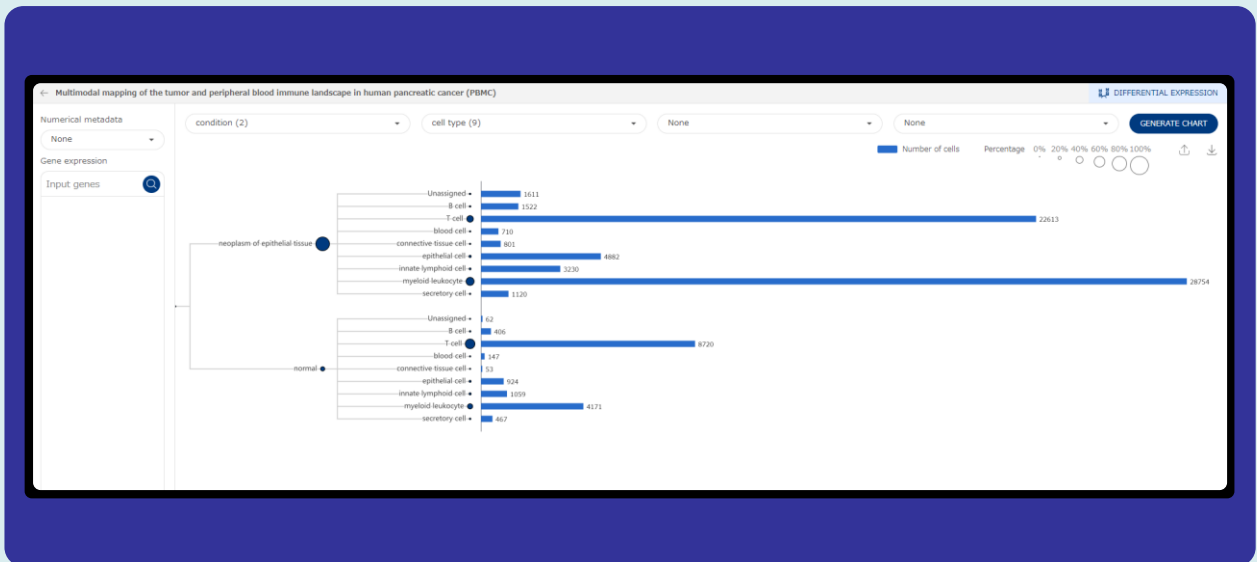
Gene query

複数の条件における 1 つまたは複数の遺伝子発現を調べます。



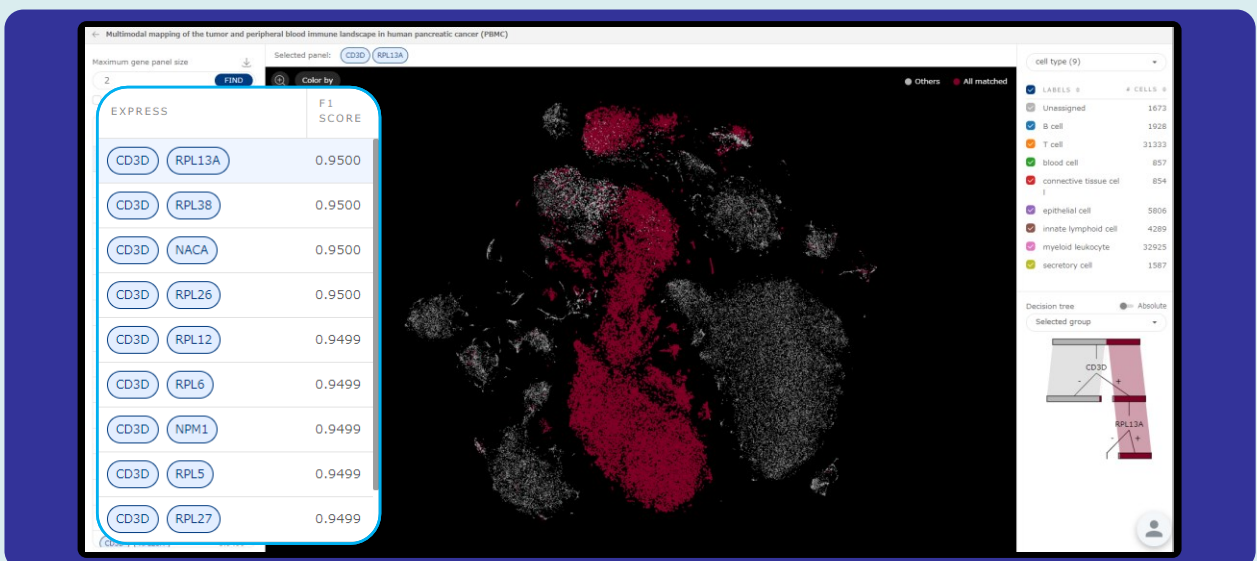
多彩な視覚化

• Bar chart • Violon plot • Bubble heatmap • Circos plot • Intersection plot • Co-expression heat map



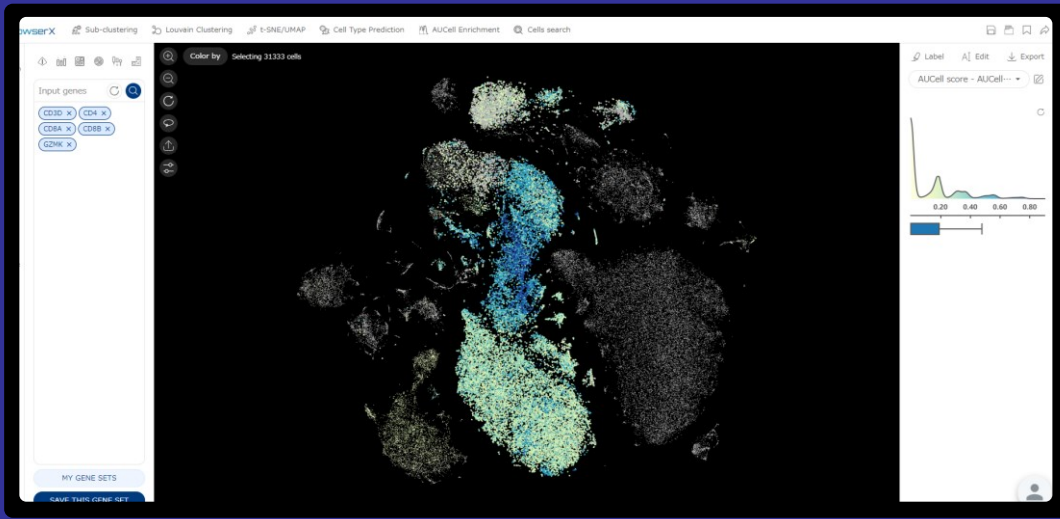
Composition Chart

例えば、各サンプルにおけるcell typeの割合のように、複雑な実験計画や分割された構成要素を可視化します。



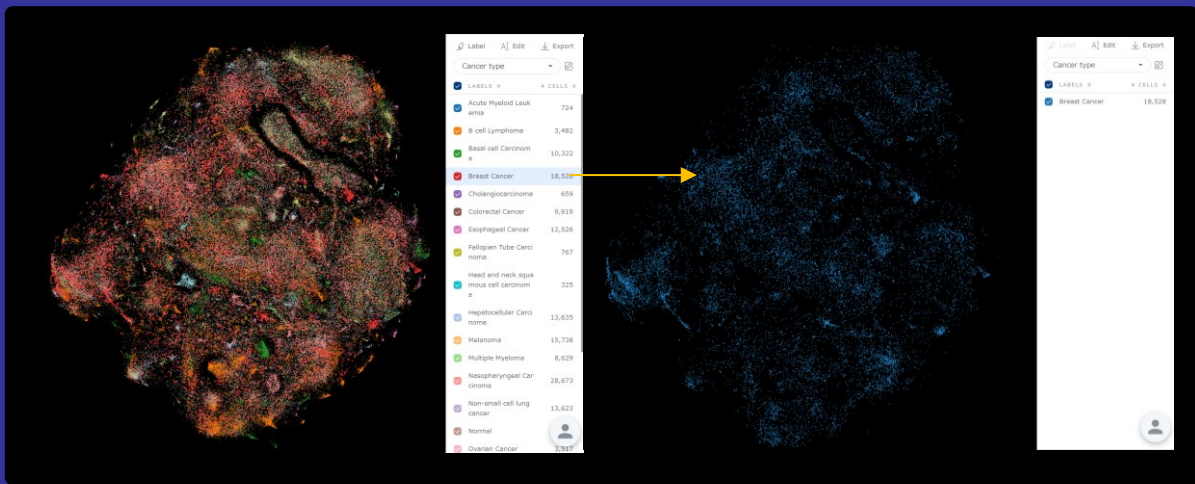
Marker genes

シグネチャー遺伝子の最適なパネル（発現量の異なる遺伝子のセット）を見つける。



AUCCell enrichment

アクティブな遺伝子セットがエンリッチされている細胞を特定します。



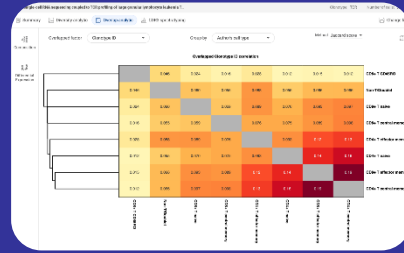
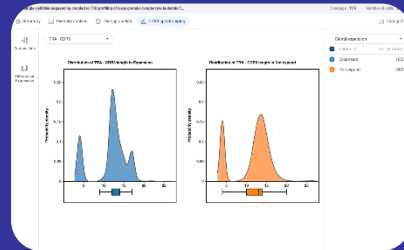
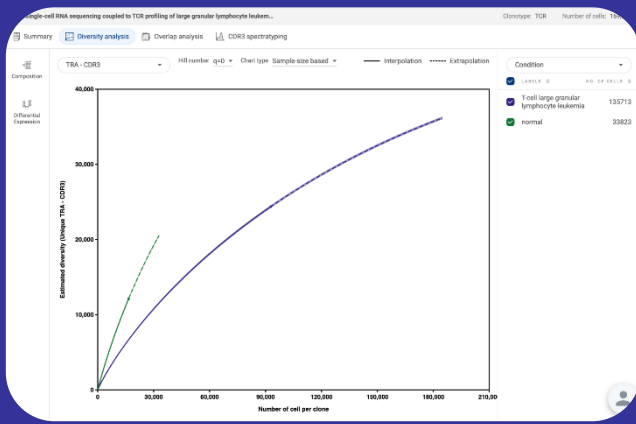
サブクラスタリング

セルのグループを取り出し、それらを新しいデータセットとして扱う高度な機能です。



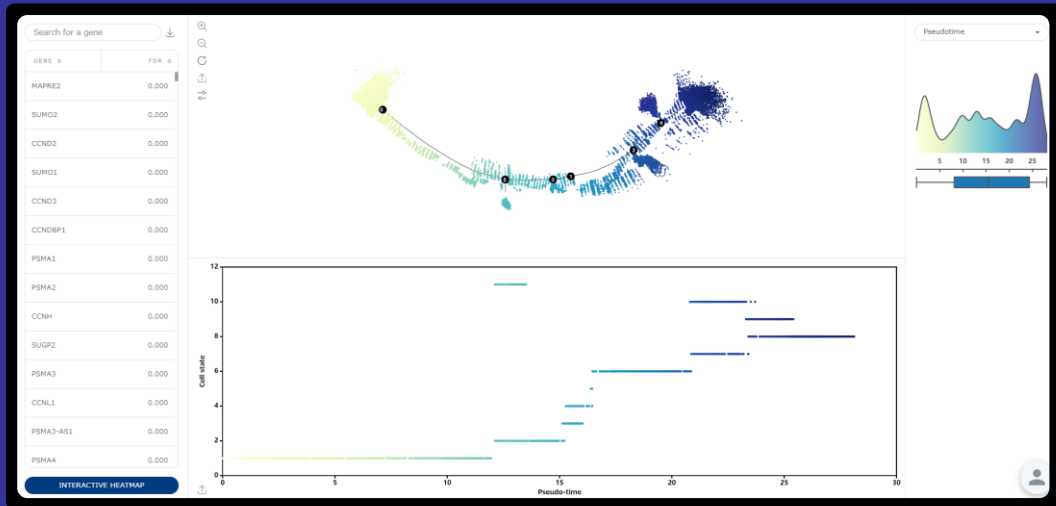
Differential expression

高度な視覚化と分析ダッシュボードでDEGを探索します。



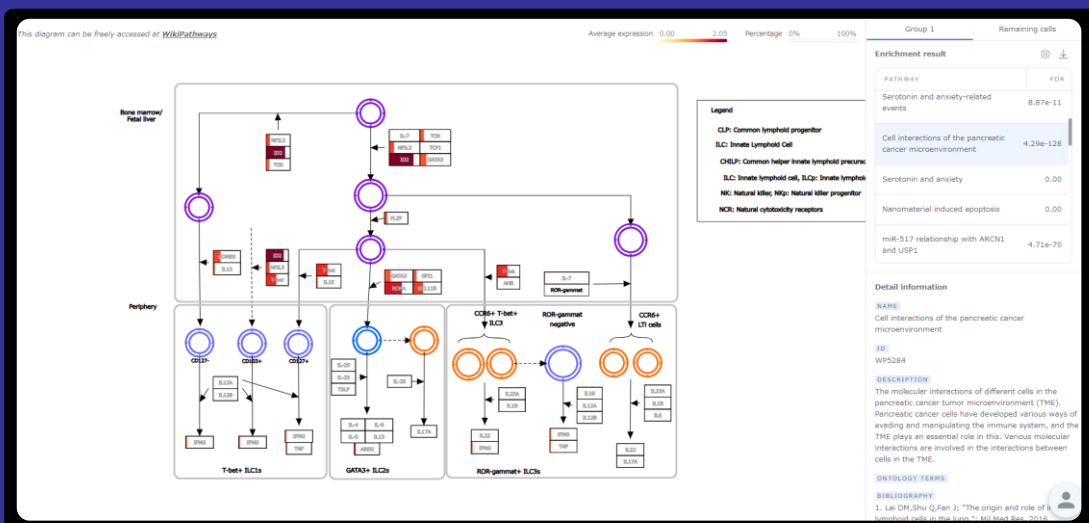
Clonotype

TおよびBリン球の受容体をコードする遺伝子のV、D、J遺伝子セグメントの配列データに基づいて、Clonotypeの多様性を分析します。



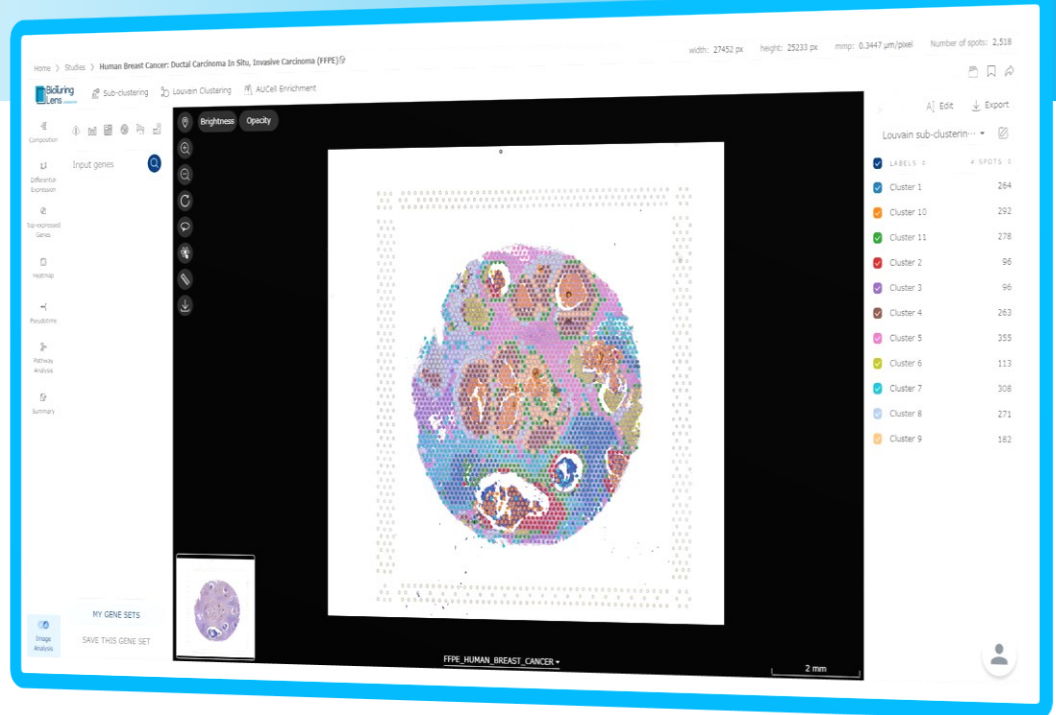
Pseudotime

遺伝子発現プロファイルの動的変化をモデル化し、細胞の発生軌跡を再構築します。



パスウェイ解析

パスウェイデータベースWikiPathwayを利用し、AU cellスコアに基づいてエンリッチメントスコアを計算することにより、潜在的な生物学的プロセスを特定します。



- ✓ クラウド型解析プラットフォーム
- ✓ 空間オミックスデータを読み込み、データを簡単に視覚化および分析することができます。
- ✓ 高度に最適化されたGPUアルゴリズム



GeoMx DSP



Visium Folder



Spatial transcriptome
CosMx, Xenium, MERSCOPE, ...

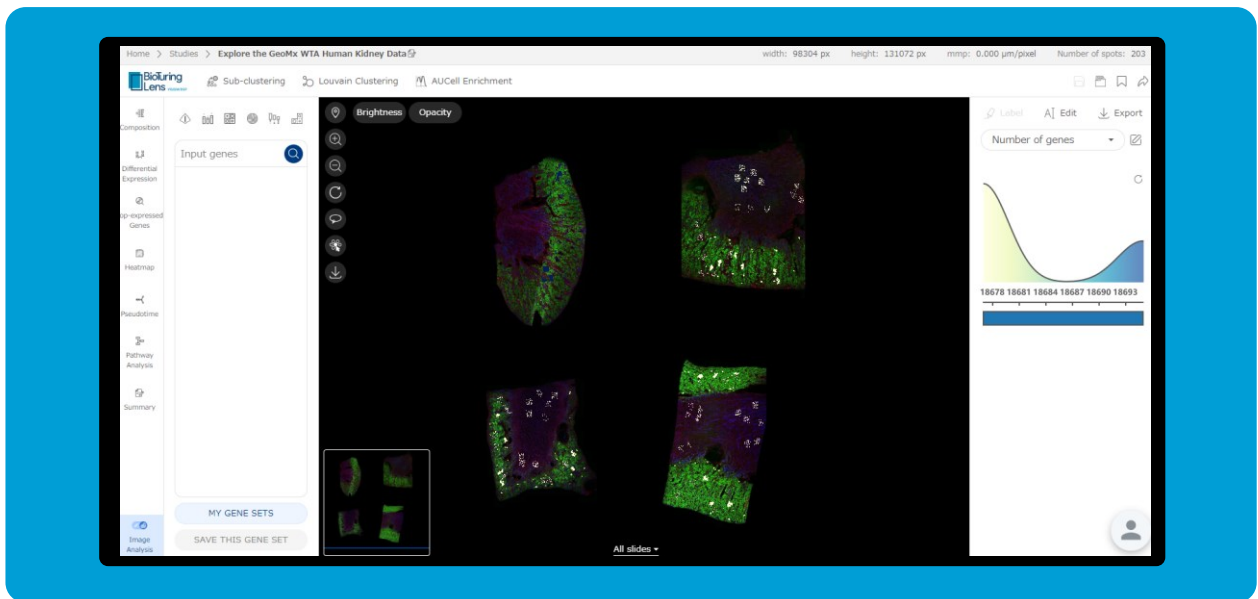


Spatial proteome
CODEX, CyCIF, mIHC, ...

様々な空間オミックスデータをサポート

- GeoMx DSP (nanosttring)
- Visum Spatial (10X Genomics)
- Xenium (10X Genomics)
- CosMx (nanosttring)
- MERSCOPE (Vizgen)
- Akoya Biosciences および t-Cycif
プロテオミクステクノロジー

Interactive image viewer



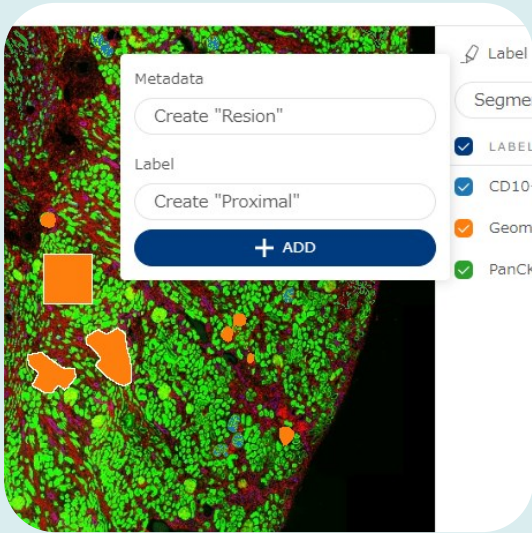
複数スライドデータを1か所に

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です。
例えば、複数のスライドを並べて Differential expression などの解析を行うことができます。

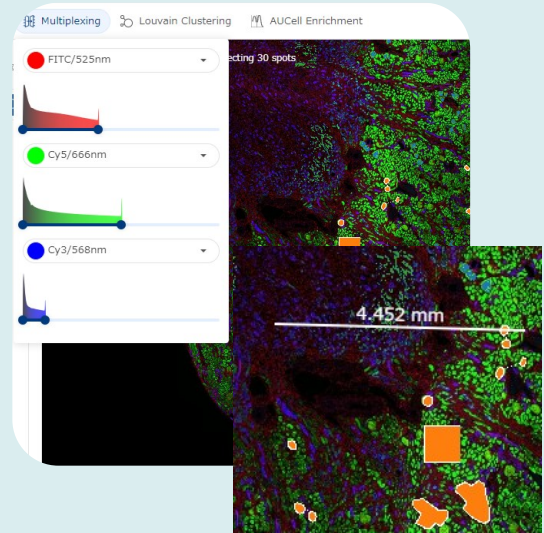


空間パイプラインとシングルセルパイプライン間のシームレスな移行

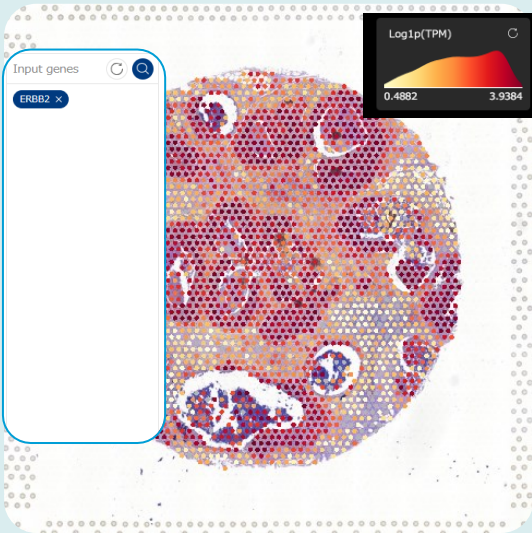
1クリックで空間イメージ画像と2D Embeddedの切り替えが可能です。
このシームレスな移行により各パイプラインで実行可能な解析を手間なく行うことができます。



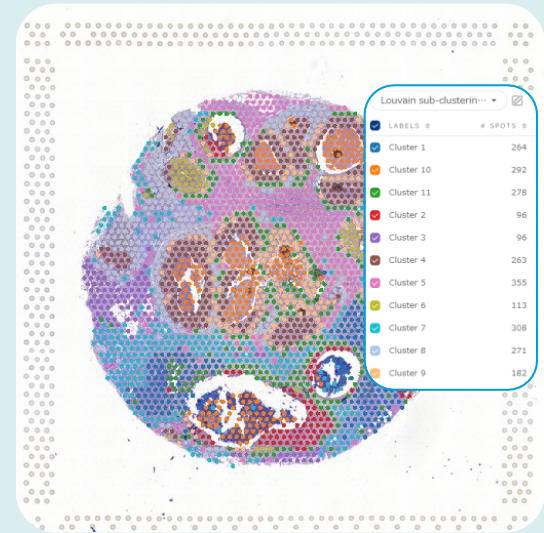
メタデータ マネジメント



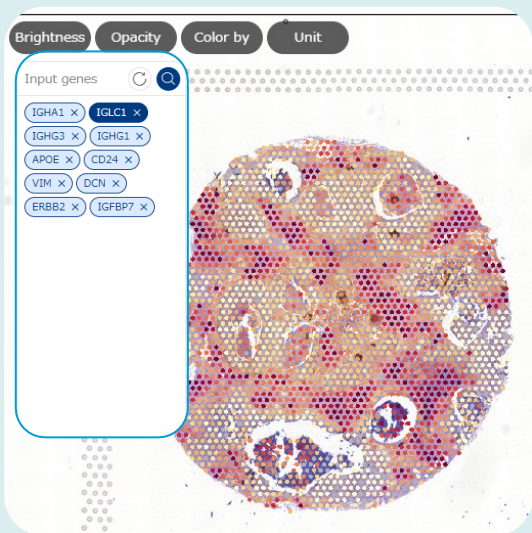
蛍光チャンネルの調整
*サポートされないデータもあります。
距離の測定



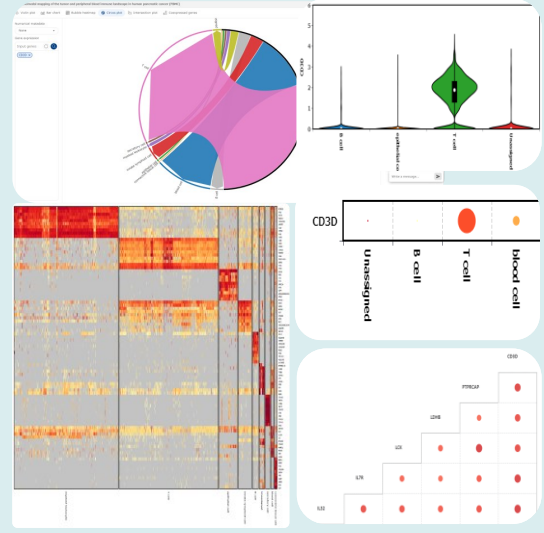
Gene query



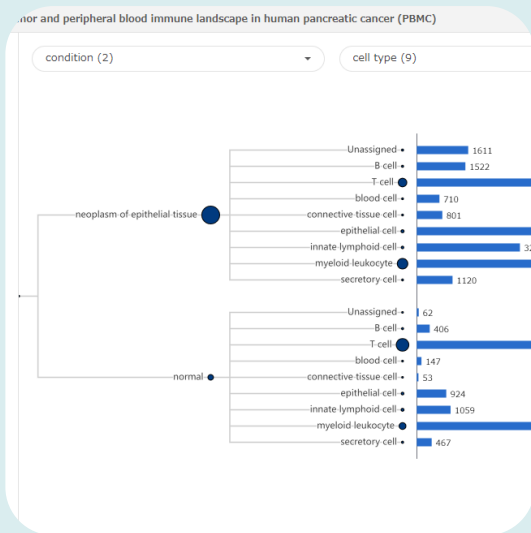
Louvain clustering



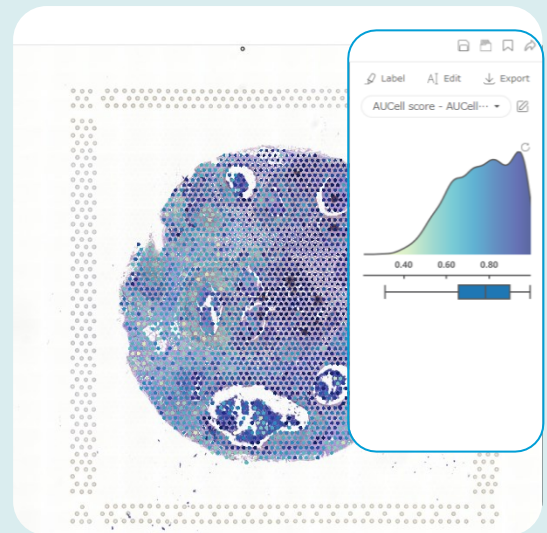
高発現遺伝子を見つける



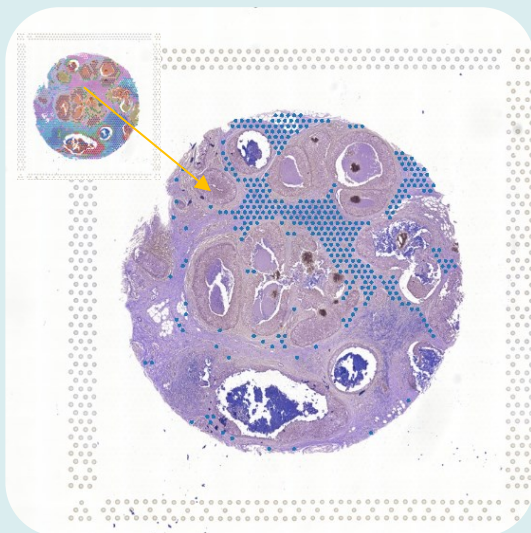
多彩な視覚化



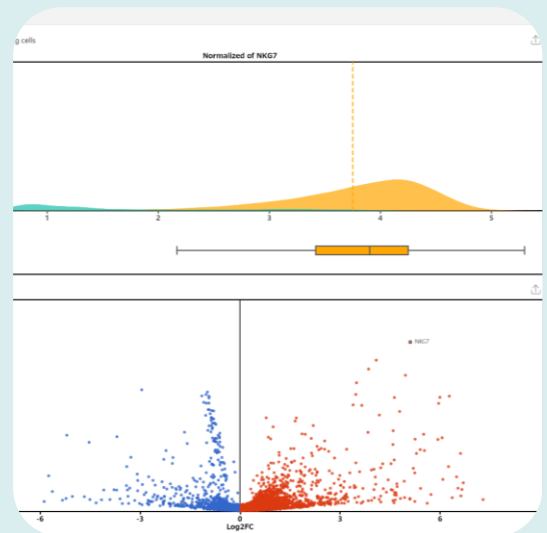
Composition chart



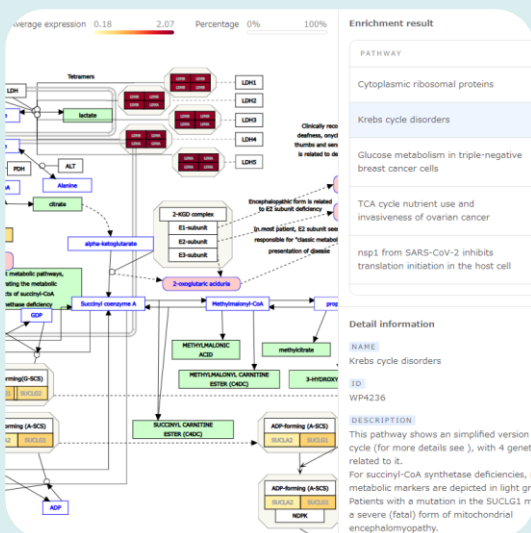
AUCell enrichment



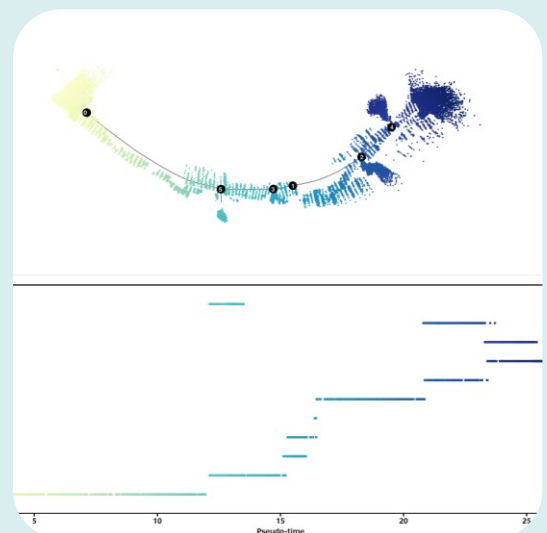
サブクラスタリング



Differential expression



パスウェイ解析



Pseudotime



- ✓ **世界的な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・再解析することができます。**
- ✓ **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**

Single-cell RNA sequencing

Bulk spatial transcriptomics

Single-cell spatial transcriptomics

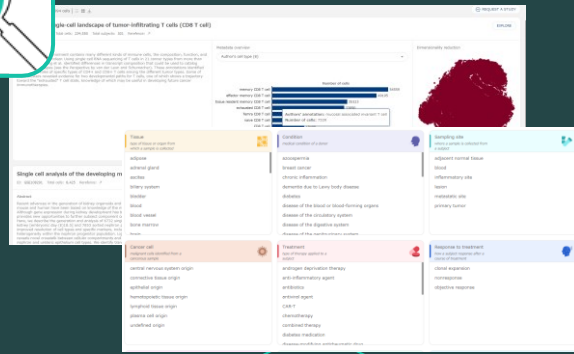
Spatial proteomics

The world largest curated single-cell database with more than

2,300
Datasets

118,000,000
Cells

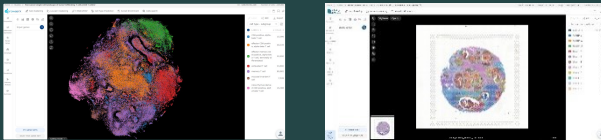
300
Cell types



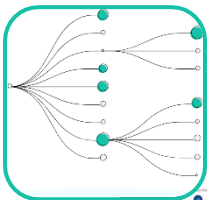
【BioTuringパブリックデータの閲覧・再解析】

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。

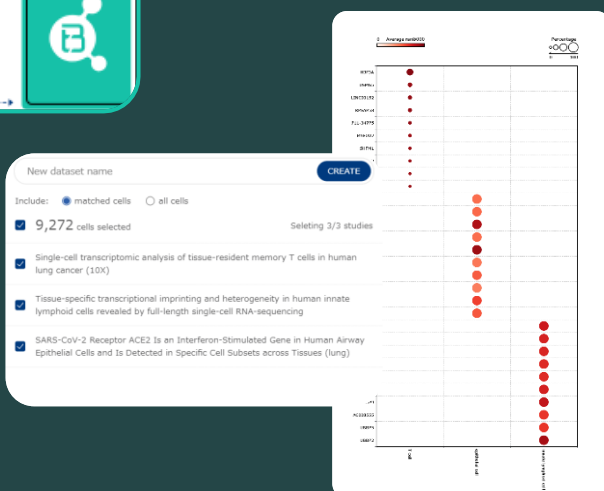


【遺伝子およびcell typeの検索】

メーカーのデータベース全体にわたる遺伝子クエリ、共発現解析、およびcell type特異的遺伝子マーカーに関する情報を閲覧できます。シングルセルRNA-seq情報の辞書引きのような機能です。

例)

- ・CD3Dと関連する細胞種を調べたい。
- ・T細胞のcell typeに関連する遺伝子を調べたい。
- ・FOXP3 と共発現していると知られている遺伝子を調べたい。



【セルアトラス機能】

メーカーが収集した研究データセットを結合してシングルセルアトラスを作成できます。大規模なアトラスを分析すると特定の条件下で一貫して現れる細胞のサブセットなど、個々のデータセットを分析するときに隠れていたパターンがあきらかになる可能性があります。

アトラス内の遺伝子発現の可視化や共発現遺伝子の探索、データセット内の異なるグループを比較したり、アトラスのセル間を区別することに役立つシグネチャー遺伝子をバブルヒートマップで表示することができます。

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

(OCT.,2023)