

단일세포 분석을 더 간편하게

Partek™ Flow™ 소프트웨어의 사용이 쉬운 단일세포 멀티오믹스 분석 도구로 깊은 생물학적 통찰력을 얻어 보세요

RNA-Seq, ATAC-Seq, CITE-Seq과 같은 단일세포 분석(single-cell analysis) 기법은 세포 간 변이(cell-to-cell variation)에 대한 고해상도 이미지를 제공하여, 복잡한 생물학적 시스템의 기초가 되는 광범위한 세포 이질성(cellular heterogeneity)을 밝혀낼 수 있습니다. Partek Flow 소프트웨어는 단일세포 데이터의 분석 및 시각화에 손쉽게 사용할 수 있는 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 플랫폼으로, 멀티오믹스(multiomics) 연구 시 연구자의 숙련도에 상관없이 최대한 많은 통찰력을 제공해 줍니다.



포인트 앤 클릭 분석

맥락에 맞는 직관적인 인터페이스로 손쉽게 데이터 분석



고급 시각화 도구

단 몇 번의 클릭만으로 유용하고 바로 발표할 수 있는 시각화된 데이터 생성



강력한 통계 기능

믿을 수 있는 결과를 제공하는 업계 표준 통계학적 알고리즘 사용



맞춤화 가능한 워크플로우

시각적으로 맞춤 분석 파이프라인을 구축하고 공동 연구자와 공유

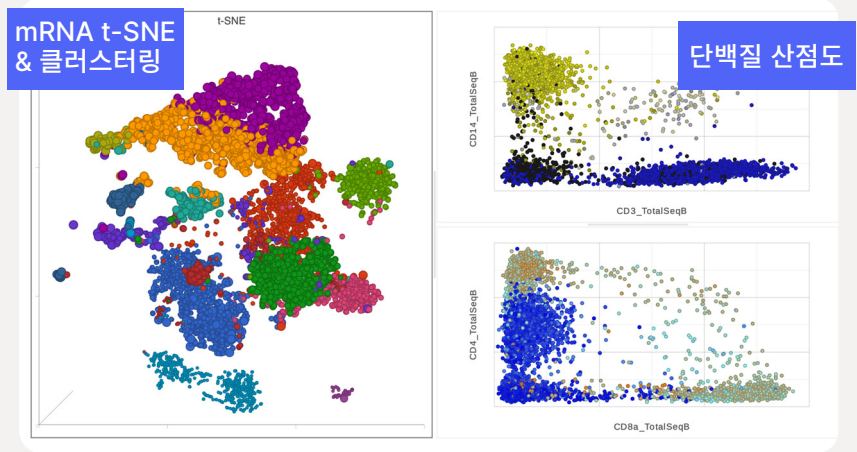
지원되는 단일세포 분석 애플리케이션

- 단일세포 RNA-Seq
- 단일핵 RNA-Seq
- CITE-Seq
- ECCITE-Seq
- TotalSeq
- REAP-Seq
- 특징 바코딩
- 항체 포획 시퀀싱
- 유세포 분석 & 질량 세포 분석
- V(D)J 시퀀싱
- 공간 오믹스



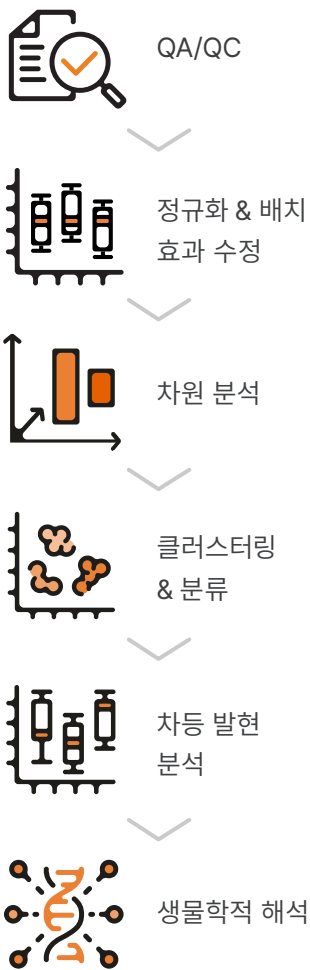
강력한 분석 & 시각화 도구

Partek Flow 소프트웨어는 유전자 발현(expression) 또는 조절(regulation) 패턴 파악, 조직 및 장기의 세포 유형 지도(cell-type atlas) 구축, 세포 계통 추적(cell lineage tracing), 약물 치료 반응의 추적을 위한 바이오마커(biomarker) 식별, T세포/B세포 클론형(clonotype) 확인 등 연구자가 원하는 단일세포 멀티오믹스 데이터를 손쉽게 분석하고 시각화할 수 있는 도구를 제공합니다.



단일세포 RNA-Seq 데이터와 TotalSeq 단백질 데이터를 결합하여 세포 유형을 확인, 선택 및 분류할 수 있음

단일세포 분석 워크플로우의 단계

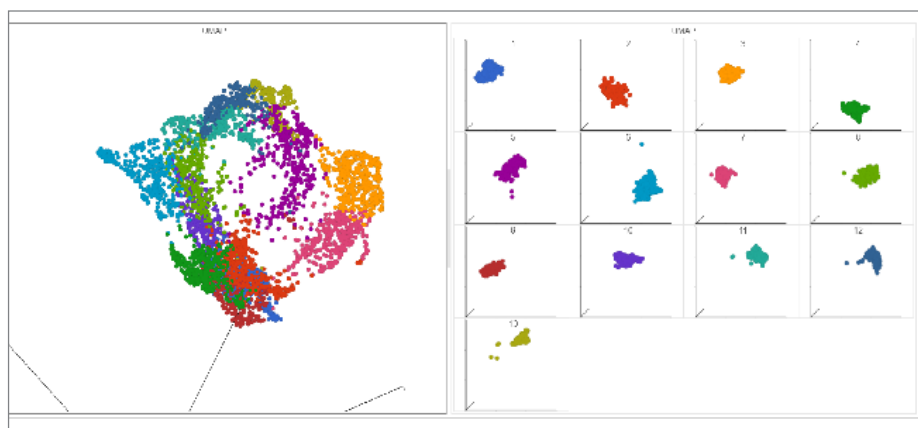
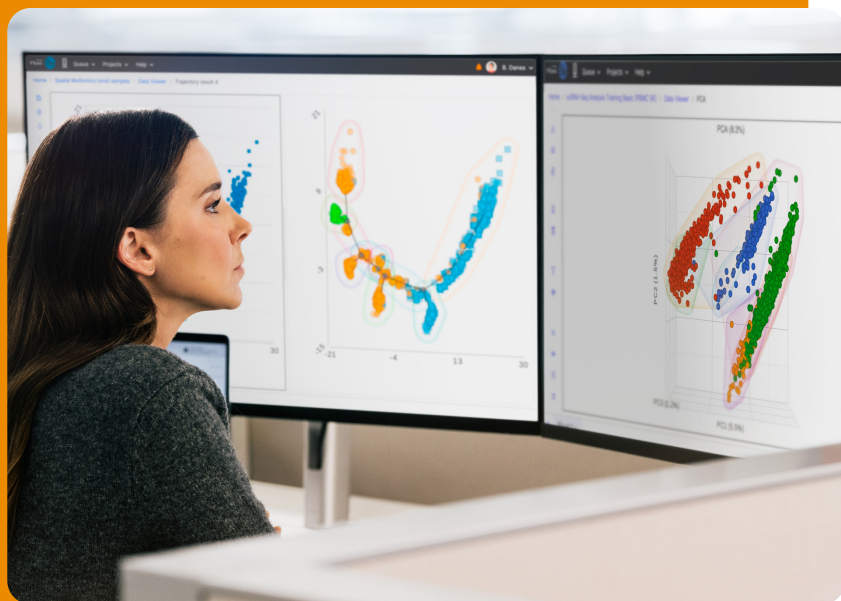


단 하나의 솔루션으로 데이터에서 생물학적 통찰력까지

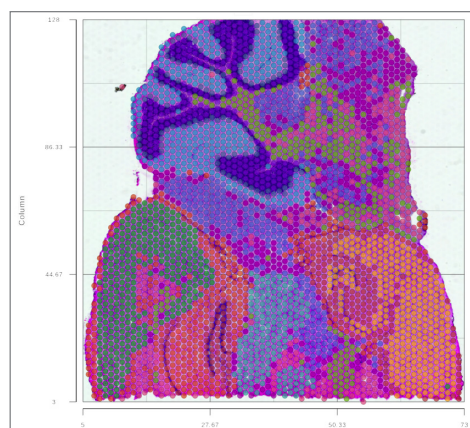
- 대중적인 단일세포 분석 플랫폼으로 생성한 데이터 파일(예: 발현량 행렬(count matrix), Seurat 객체)로 단일세포 분석 파이프라인 시작
- 필터링된 바코드 확보를 위한 데이터 품질 확인 및 저품질 바코드 제거
- 데이터 정규화(normalization) 및 배치 효과(batch effect) 제거
- 세포 유형의 수동 분류 또는 자동 분류(Garnett 알고리즘 등 사용)
- 분석에 필요한 맞춤 유전자 목록 생성 및 불러오기
- 세포 유형 클러스터링(clustering), 세포 아군집(subpopulation) 발견, 유전자/단백질 차등 발현(differential expression) 확인
- t-SNE, UMAP, PCA, 히트맵, Volcano 플롯, 버블 맵, KEGG pathway, 제자리(*in situ*) 발현 이미지 등 다양한 방법을 활용한 데이터 시각화
- 멀티오믹스 실험에서 얻은 유전자 발현 데이터와 단백질 발현 데이터를 통합해 특징 종류의 상관관계 파악

다양한 단일세포 데이터 탐구 방법

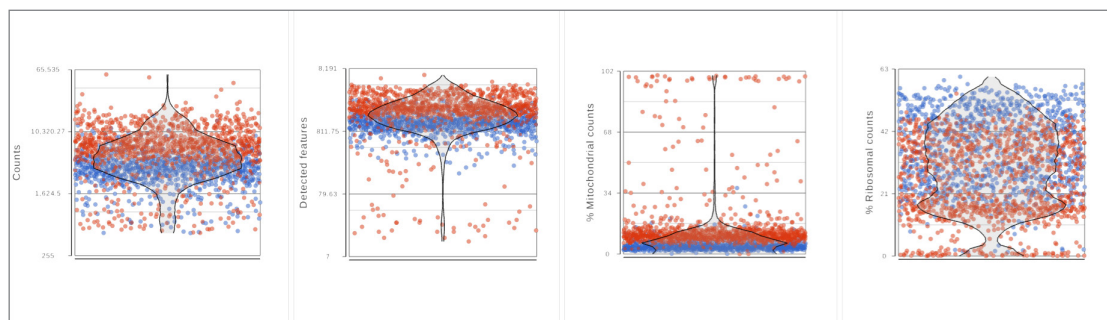
단일세포 데이터를 인터랙티브 그림으로 변환하고 멀티오믹스 연구에서 얻은 생물학적 통찰력을 최대한 활용해 보세요. Partek Flow 소프트웨어의 Data Viewer는 세포 유형과 차등 발현을 쉽고 빠르게 시각화해 줍니다.



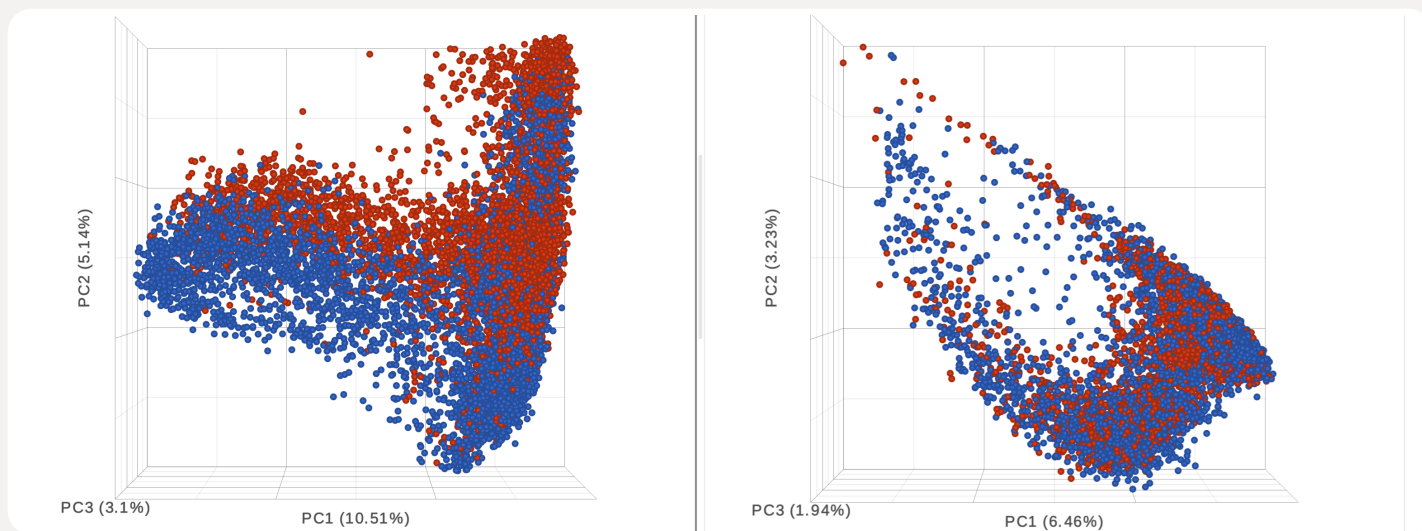
TotalSeq 산점도를 멀티패널 차트로 분할한 후 한 번에 하나의 클러스터만 선택하여 개별 세포의 단백질 발현을 살펴 볼 수 있음



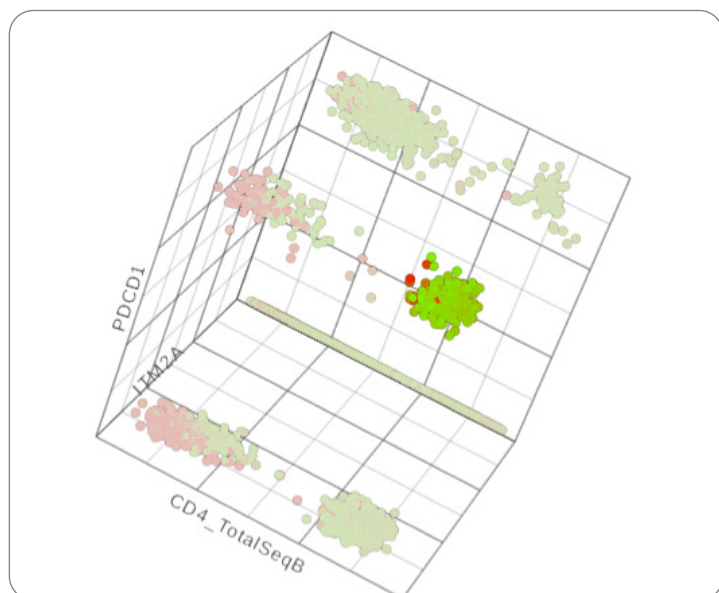
단일세포 RNA-Seq 데이터를 조직 이미지에 오버레이하여 공간 전사체 분석(spatial transcriptomics) 데이터를 시각화할 수 있음



인터랙티브 UMI 카운트, 검출된 유전자 및 미토콘드리아/리보솜 카운트 비율 자료를 기반으로 단일세포 데이터의 QC를 실행하고 바코드를 필터링할 수 있음



일반적인 선형 모델, Seurat3 통합, Harmony와 같은 배치 효과 수정 방법을 사용하여 노이즈를 제거하고 생물학적 변이를 발견할 수 있음. 상기 자료는 각 샘플을 색상으로 구분한 배치 효과 수정 전(좌측)과 후(우측) PCA 결과를 나타냄



단일세포 RNA-Seq 데이터와 단백질 발현 데이터를 하나의 차트로 통합할 수 있음

더 알아보기

Partek Flow 소프트웨어

데모 신청하기

약어: ATAC-Seq = assay for transposase-accessible chromatin with sequencing; CITE-Seq= cellular indexing of transcriptomes and epitopes by sequencing; ECCITE-Seq = expanded CRISPR-compatible cellular indexing of transcriptomes and epitopes by sequencing; KEGG = Kyoto encyclopedia of genes and genomes; PCA = principal component analysis(주성분 분석); QA = quality assurance(품질 보증); QC = quality control(품질 관리); REAP-Seq = RNA expression and protein sequencing; REST API = representational state transfer application programming interface(REST 아키텍처의 제약 조건을 준수하는 애플리케이션 프로그래밍 인터페이스); RNA-Seq = RNA sequencing(RNA 시퀀싱); t-SNE = t-distributed stochastic neighbor embedding; UMAP = uniform manifold approximation and projection for dimension reduction(차원 축소를 위한 균일 매니폴드 근사 및 투영); UMI = unique molecular identifier(고유한 분자 식별자)

illumina®

무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.

M-GL-03004 v1.0 KOR

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.