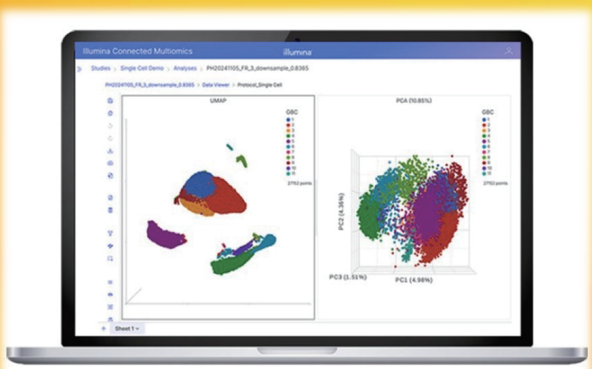
illumina

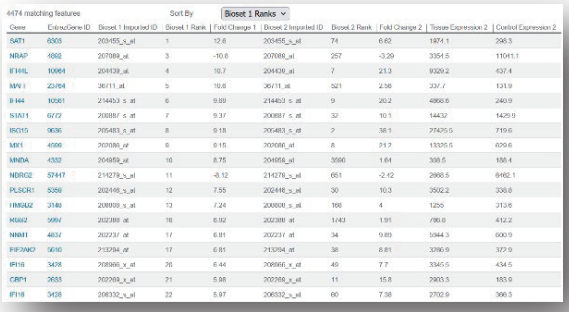
BaseSpace Correlation Engine

発現解析データの視覚化アップデート

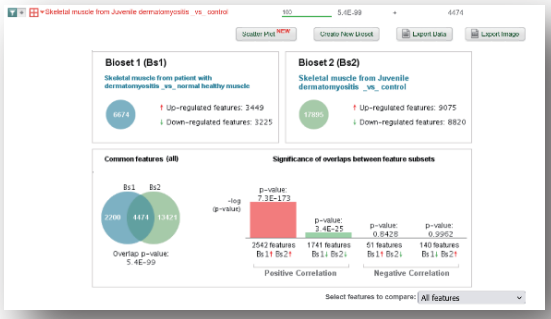


BaseSpace Correlation Engine(BSCE)は各種の遺伝子発現解析データを比較検証して特異的または共通する遺伝子の発現変動や変異を探し出すことができます。しかし膨大な遺伝子リスト中から注目すべき遺伝子を見つけ出すことは非常に困難な作業です。アップデートされたBSCEは様々なグラフィック機能を利用して、遺伝子特異性のバイオマーカー探索等の解決を支援します。

Comparison Table



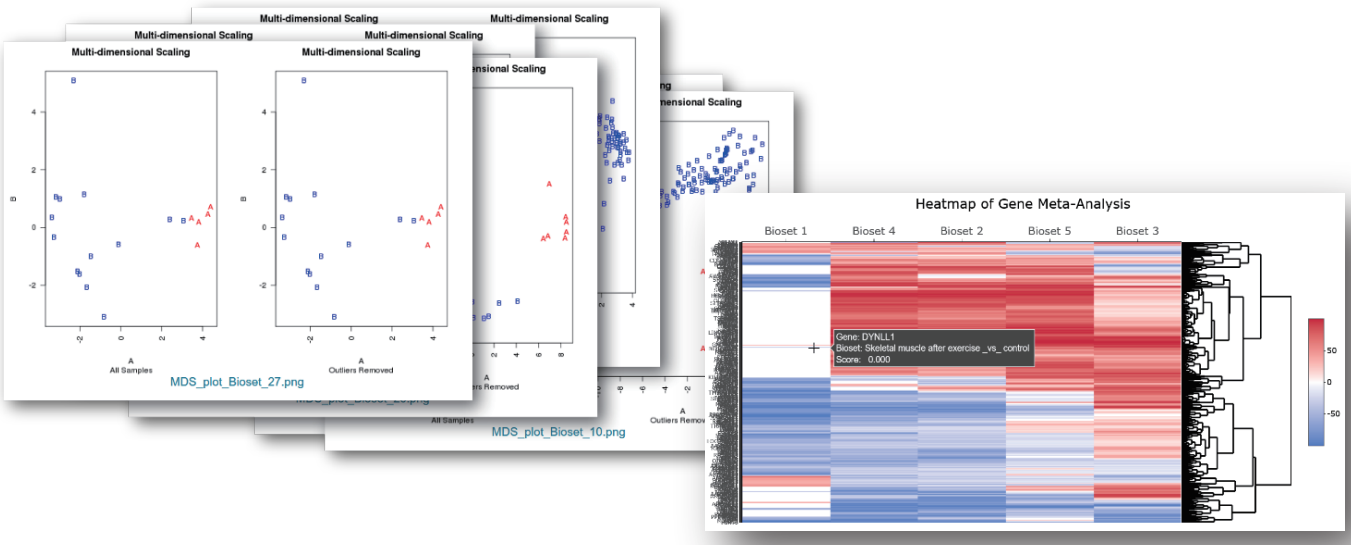
Venn diagram



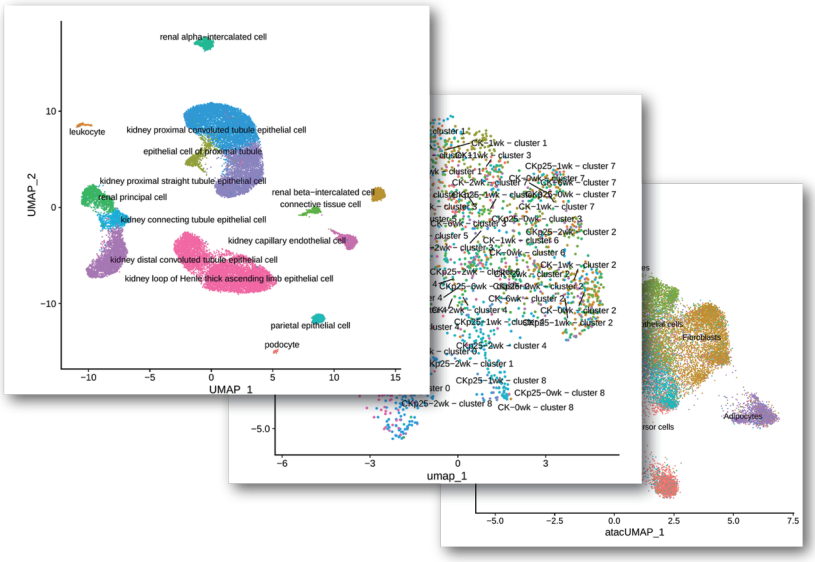
- 各種実験手法の「発現変動遺伝子(DEG - Differentially Expressed Gene)」解析データ(Bioset)間の比較を2群比較解析、多群比較解析に応じたグラフィックを詳細なテーブルと合わせて表示します。
- これまでのVenn diagram に加えて設定を自由に変えられるScatter Plot を追加しました。
- 同一デザインの実験で得られたデータセット(Study)内のBiosetの比較を個々のデータの表示と統計処理をしたグラフ、Heat mapなど様々な方法で可視化し、特異的なDEGの判別を容易にしました。

Scatter Plot

MDS:Multi Dimensional Scaling plot of Bioset & Heat map

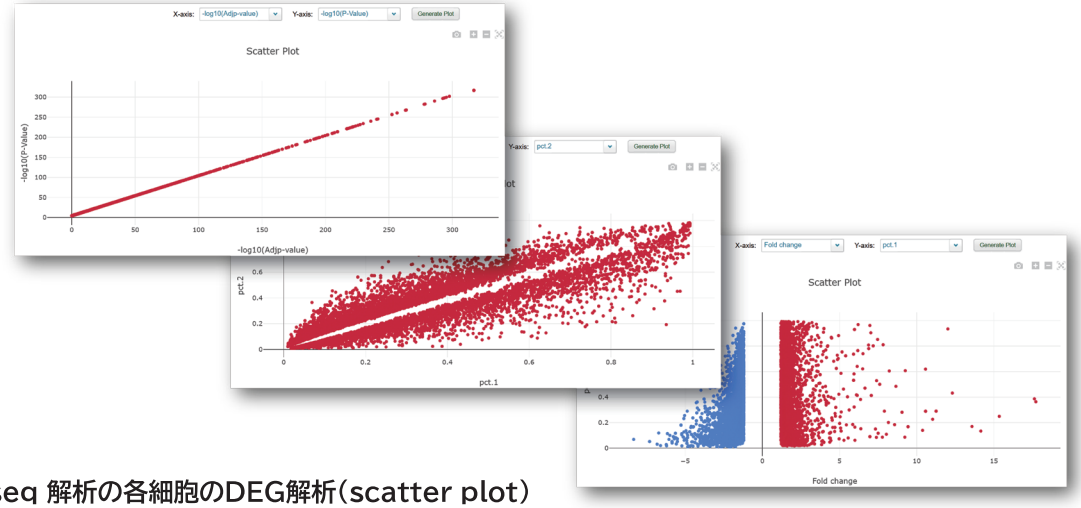


sc ATAC –seq 解析の全細胞サンプルのUMAP解析



- 通常の細胞群(bulk)解析では難しかった細胞単位のDEG解析もシングルセル解析によりこれが可能になりました。

- BSCEではパブリックデータベースに登録された single cell (sc) RNA-seq およびsingle cell ATAC-seqのデータを各種の設定を用いたScatter Plot とUMAP解析表示のグラフィック表示により可視化し特異的なDEGの判別を容易にしました。



sc ATAC –seq 解析の各細胞のDEG解析(scatter plot)

広範かつ安全なグローバル
フレームワーク

ISO 27001認証取得済みの
情報セキュリティマネジメントシステム
ISO 27701認証取得済みの
個人情報マネジメントシステム

GDPRの原則に準拠

HIPAAコンプライアンスに
対応

CeresBiosci.

セレスバイオサイエンス株式会社

〒336-0022 埼玉県さいたま市南区白幡3-6-7-203
TEL 048-789-6561 / FAX 048-789-6562
Email : sales@ceresbio.co.jp
HP : https://www.ceresbio.co.jp/