

BioLegend

From Revvity

マルチオミクス解析用試薬 TotalSeq

抗体、カクテル、Hashtag試薬

revvity



マルチオミクス解析は、研究者がDNAやRNAの発現を単独で調べるだけでなく、タンパク質発現など複数のモダリティを同時に探索できるようにすることで、従来のシーケンス実験を変革しました。TotalSeq™オリゴ結合抗体は、シーケンスによる細胞タンパク質発現解析を促進し、単一細胞およびバルクRNA・DNAシーケンスワークフローの両方にシームレスに統合されます。当社の幅広い製品ポートフォリオには、抗体、カクテル、サンプルのマルチプレックス法に用いるCell hashtagに加え、シーケンシングによるタンパク質検出を強化する革新的な単一細胞タンパク質専用アッセイが含まれています。TotalSeq試薬の高い性能と、個々の細胞の特異的特徴を明らかにするために、確立されたワークフローから最先端ワークフローまで、TotalSeq試薬がどのように統合されるのか見てみましょう。

目次

TotalSeq-A、-B、および-C：単一細胞レベルでのタンパク質とRNAの検出	3
TotalSeq抗体を使用する利点	3
単一細胞タンパク質およびRNA分析用抗体フォーマット	4
TotalSeq-Bおよび-C：細胞内タンパク質染色	5
Hashtagを用いたサンプルのマルチプレックス法	6
Cell hashing（サンプルが細胞の場合）	6
Cell hashingのワークフロー	6
Nuclear hashing（サンプルが核の場合）	6
抗体カクテル	7
免疫系細胞の特性をさらに高いレベルで解明しましょう	7
深く探索的な表現型解析を可能にする抗体カクテル	7
標的型カクテル	7
Mouse Myeloid Cocktail	8
Human Heme Oncology Cocktail	8
基本的な免疫表現型分析	8
バルクエピトープおよび核酸シーケンシング（BEN-Seq）	8
TotalSeq PhenoCyte：高パラメータ単一細胞タンパク質解析	8
TotalSeq-D：単一細胞タンパク質およびDNA検出	10
抗体カクテル	10
TotalSeq-D hashtag 試薬	10
マルチオミクス解析ソフトウェア（MAS）	11

TotalSeq-A、-B、および-C：単一細胞レベルでのタンパク質とRNAの検出

オリゴヌクレオチド標識抗体TotalSeqを用いることで、CITE-seqなどの遺伝子とタンパク質を同時に測定するアプリケーションにおいて、単一細胞レベルでタンパク質の測定が可能となります。poly(dT)とmRNAのpoly(A)との間のハイブリダイゼーションを利用して捕捉する既存のsingle-cell RNA sequencingのワークフローや10x Genomics社のワークフローに円滑に統合することができます。

TotalSeq抗体を使用する利点

ドロップアウトが少ない： TotalSeq由来の抗体タグはドロップアウトが起こりにくいです。

細胞の分類と識別が向上： 発現レベルの低いRNA分子やCD45RAやCD45ROなどのバリエーションは、RNAレベルでの検出が困難です。TotalSeq抗体を使うことでこれらの限界を補うことができ、細胞をさらに良く識別することができます。

多くのタンパク質を検出できる： 1回の実験で100種類以上の抗体を用いることで、非常に多くのタンパク質を同時に検出することができます。

効率の向上： Cell hashing用の抗体を使用し簡単に複数のサンプルを混合することができるので、ワークフローを改善し実験コストの削減が可能です。

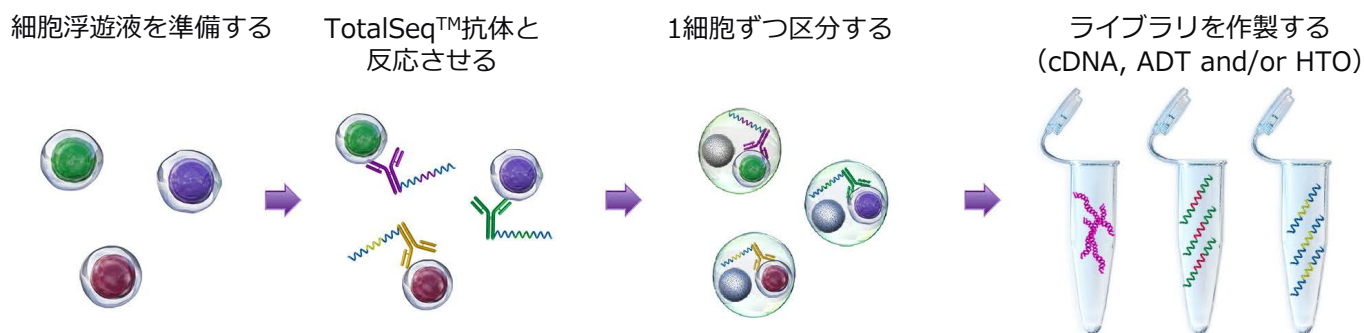
同時マルチオミクスデータ生成： プロテオミクスとトランスクリプトミクスデータを統合し、単一細胞実験の解析力を強化します。

多様な研究分野で使用可能： マウスおよびヒトの広範囲なターゲットに対するTotalSeq抗体をご用意しているので、次のような様々な研究分野でお使いいただけます。

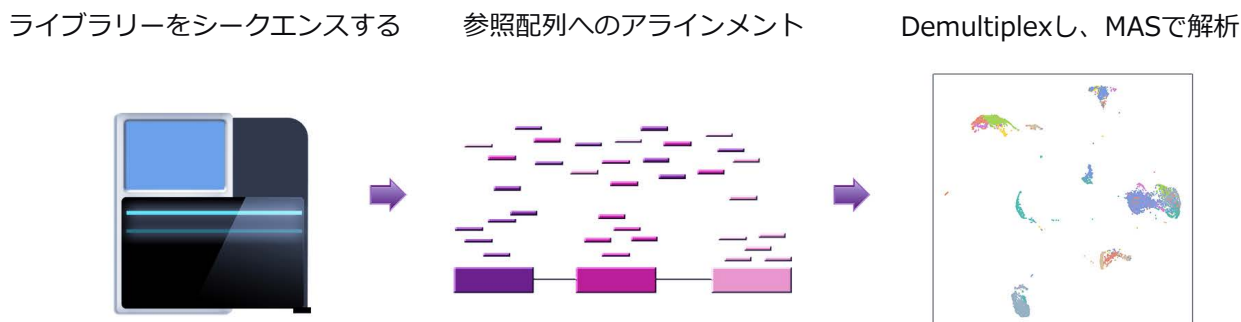
- ・ 個別化医療あるいは精密医療
- ・ がん研究
- ・ 幹細胞研究
- ・ 基礎免疫学および応用免疫学
- ・ バイオマーカーの探索
- ・ 新規細胞または希少細胞の特性解析
- ・ 神経免疫学
- ・ ワクチンの研究

タンパク質とRNAを同時検出するためのワークフロー

サンプル処理



データ処理と解析



詳細はこちら：biolegend.com/ja-jp/totalseq/single-cell-rna

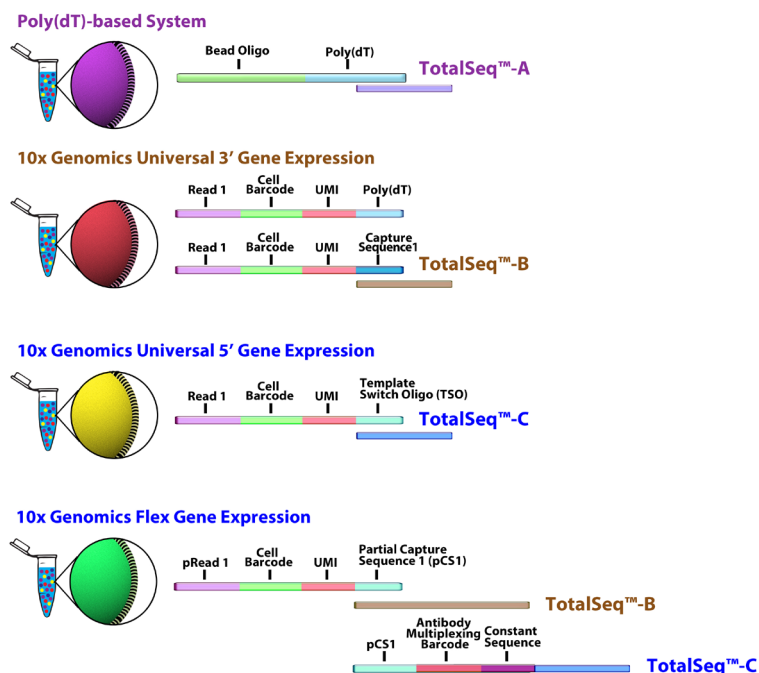
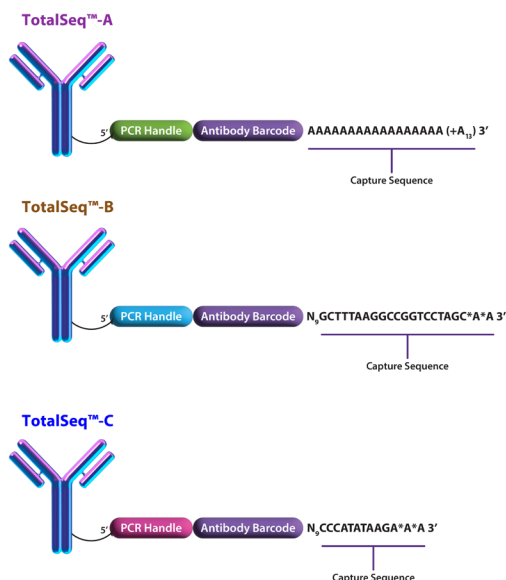
単一細胞タンパク質およびRNA分析用抗体フォーマット

BioLegendが有する、信頼性のある抗体クローンのポートフォリオを活用して、豊富な品揃えのオリゴヌクレオチド標識抗体をご提供します。複数のフォーマットの抗体をご用意していますので、お客様独自の研究目的に合わせて実験をデザインできます。それぞれのTotalSeq抗体には、捕捉配列、クローン特異的な抗体バーコード配列、およびシーケンシング試薬および機器に対応しているPCRハンドルを含む、ユニークなオリゴヌクレオチドが標識されています。当社の抗体に結合するTotalSeqオリゴヌクレオチドは、用途や使用方法に応じて、抗体由来タグ（ADT）またはHashtag オリゴヌクレオチド（HTO）とも呼ばれます。

TotalSeq-A: TotalSeq-A抗体のオリゴヌクレオチド配列には、通常のmRNAを模倣するためのpoly(A)配列が含まれており、mRNAの捕捉にpoly(dT)オリゴヌクレオチドを用いるシーケンシングプラットフォームで使用できるように設計されています。Gel Bead primerのpoly(dT)配列を介して捕捉する10x Genomics 3' Universal Gene Expressionアッセイと互換性がありますが、このアッセイへのTotalSeq-A試薬の使用には試薬およびプロトコルの変更が必要です。10x Genomics社はTotalSeq-Aに対して限定的なサポートのみ提供します。TotalSeq-A試薬の使用に関する追加情報については、当社プロトコルを参照するか、BioLegendテクニカルサポートまでお問い合わせください。

TotalSeq-B: TotalSeq-B抗体の捕捉配列は、10x Genomics 3' Universal Gene ExpressionアッセイまたはFlex Gene Expressionアッセイで使用されるバーコード付きGel Bead primerのCapture Sequence 1またはPartial Capture Sequence 1に、それぞれ互換性があります。これらのアッセイにおけるTotalSeq-B抗体の使用は、10x Genomics社により完全にサポートされています。

TotalSeq-C: TotalSeq-C抗体の捕捉配列は、10x Genomics 5' Universal Gene ExpressionアッセイまたはFlex Gene Expressionアッセイで使用されるバーコード付きGel Bead primerのTemplate Switch Oligo Capture SequenceまたはPartial Capture Sequence 1に、それぞれ互換性があります。これらのアッセイにおけるTotalSeq-C抗体の使用は、10x Genomics社により完全にサポートされています。



抗体フォーマットの比較

	TotalSeq-A	TotalSeq-B	TotalSeq-C
10xGenomics社製品との互換性	Chromium Single Cell Universal 3' Gene Expressionアッセイを含む、poly(A)配列を捕捉に用いるすべてのシステムを使用可能	Chromium Single Cell Universal 3' Gene ExpressionアッセイとFlex Gene Expression assayに互換性あり	Chromium Single Cell Universal 5' Gene ExpressionアッセイとFlex Gene Expression assayに互換性あり
PCRハンドル	CCTTGGCACCCGAGAATTCCA	GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTNNNNNNNNNN	CGGAGATGTGTATAAGAGACAGNNNNNNNNNN
捕捉配列	Poly-A [A ₃₀ *A]	NNNNNNNNNGCTTTAAGGCCGGTCTAGC*A*A	NNNNNNNNNCCCATATAAGA*A*A
次世代シーケンサーの互換性	イルミナ社の装置に互換性あり	イルミナ社の装置に互換性あり	イルミナ社の装置に互換性あり

備考:

Nはランダムに選択されたA, C, G, またはTを表します。

アスタリスク (*) はヌクレアーゼによる分解を防ぐために付加されたホスホロチオエート結合を示します。

TotalSeq-A, -B, -C抗体はすべて10xGenomics社製品と互換性がありますが、異なるオリゴヌクレオチド配列を使用しています。そのため、プロトコルやプライマーなどの必要な試薬は抗体のフォーマットにより異なります。TotalSeq製品を使用する場合は、当社のプロトコルを参照してください。

TotalSeq-Bおよび-C：細胞内タンパク質染色

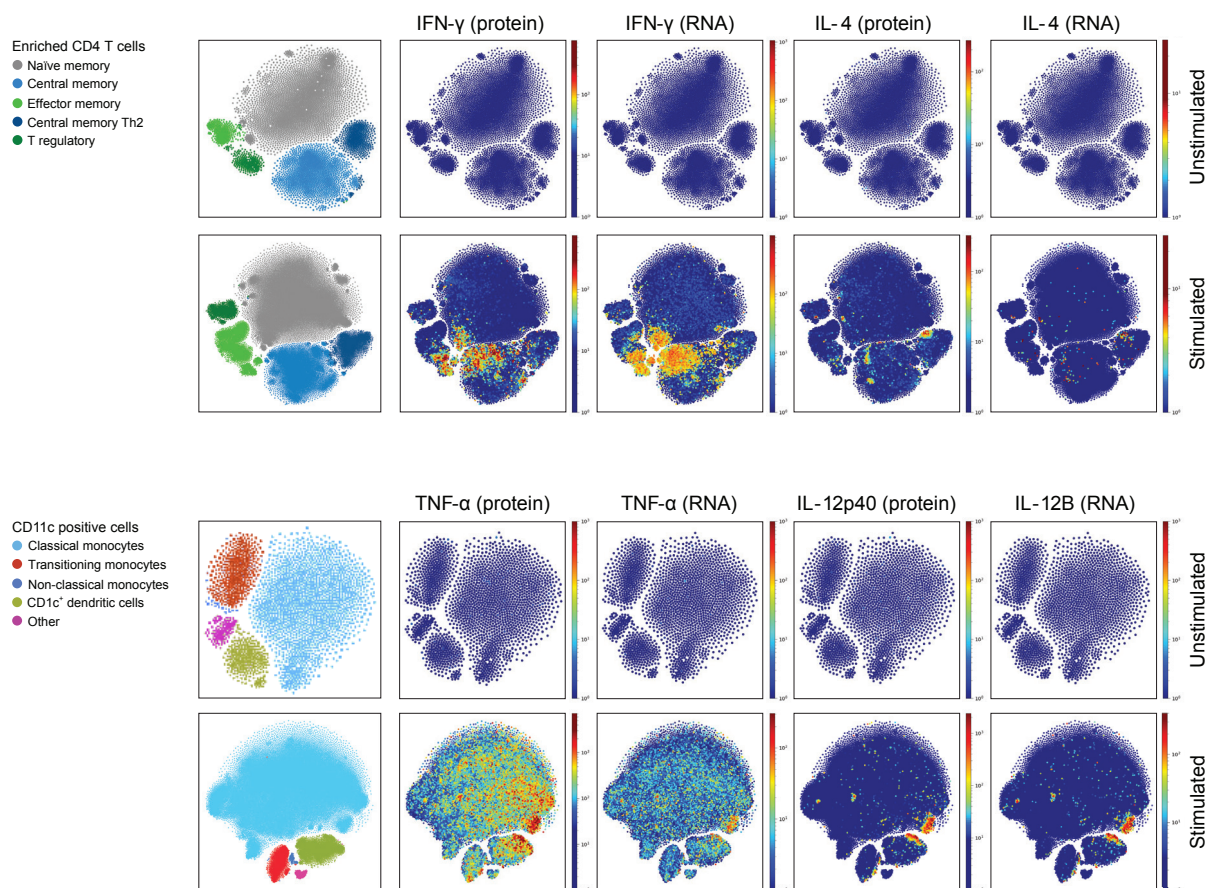
細胞内タンパク質は、細胞増殖、遺伝子調節、走化性、免疫調節など、数多くの細胞機能に関与しています。単一細胞レベルで細胞内タンパク質と細胞表面タンパク質の両方を測定することで、細胞および細胞機能の基盤となる分子プロセスの包括的な理解が可能になります。CITE-Seqを用いた単一細胞解析により、遺伝子発現と細胞表面タンパク質の発現を同時に検出することが可能となりましたが、遺伝子発現プロファイリングのためのRNA品質を維持しつつ細胞内タンパク質を検出することは、主に細胞の細胞内コンパートメントにアクセスするために用いられる条件がRNA品質に有害な影響を与える可能性があるため、困難とされてきました。

単一細胞RNA技術の進展とワークフローの最適化に伴い、10x Genomics Chromium Single Cell Flex Gene Expressionアッセイと互換性のあるTotalSeq抗体と当社のTotalSeq-B/-C細胞表面・細胞内タンパク質染色プロトコルを用いることにより、これら3つのモダリティすべてを観察することが可能になりました。

単一細胞実験に細胞内標的を追加することの利点

- 機能性分子を同定することで、細胞の特性解析が改善されます。
- シグナル伝達経路を解明することで、細胞の状態識別が深まります。
- 一見均質に見える細胞集団の中から、ユニークで新しい表現型の発見に役立ちます。

細胞内および細胞表面染色の代表的データ



(上) CD4+ T細胞をPBMCから磁気分離法で濃縮し、BFA存在下でPMAおよびイオノマイシンを用いて6時間刺激した。

(下) CD14+細胞をPBMCから磁気分離法で濃縮し、LPSおよびR848存在下でGM-CSFを用いて一晩刺激した後、最終6時間はプレフェルジンAを用いて刺激した。

Hashtagを用いたサンプルのマルチプレックス法

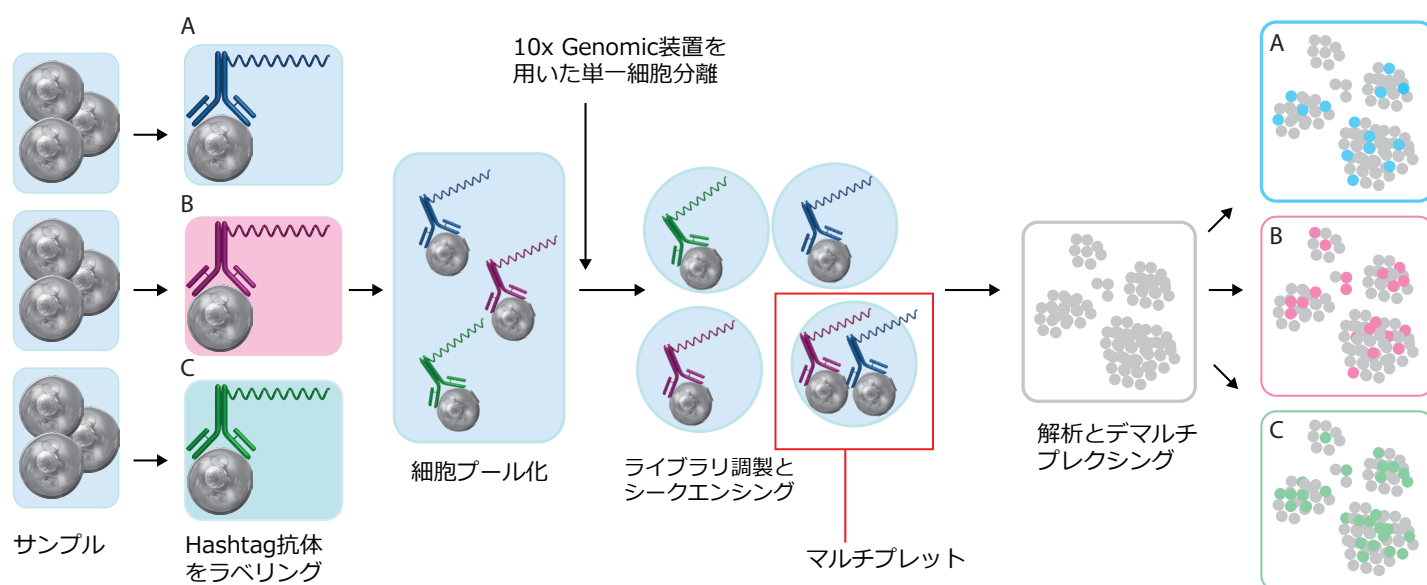
Cell hashing (サンプルが細胞の場合)

複数のサンプルを混合してから細胞区分用プラットフォームへ移すために、Hashtag試薬を試してみませんか。Hashtag試薬は普遍的に発現する2種類の細胞表面タンパク質に対する抗体の混合物で、すぐにお使いいただけます。それぞれのHashtag試薬には固有の抗体バーコード配列が付加されています。ヒトサンプル用のHashtag試薬はCD298と β 2-Microglobulinを認識します。マウスサンプル用のHashtag試薬はCD45とH-2 MHC Class Iを認識します。

Cell hashingを使用する利点

- マルチプレットを同定できます。
- 変動を最小限に抑え、バッチ効果を軽減させます。
- 細胞数の少ないサンプルをプールすることで必要な細胞数を満たすことができます。
- 実験コストを最適化できます。

Hashtag ワークフロー



Cell hashingのワークフロー

Hashtag試薬にはTotalSeq-A, -B, -Cのフォーマットがあります。全フォーマットのHashtag試薬が同じように機能しますが、ワークフローと必要なプライマーが異なります。

TotalSeq-A Hashtag 試薬:

- 24種類のヒトサンプル用と24種類のマウスサンプル用Hashtag抗体をご用意しています。
- 抗体由来タグ(ADT)ライブラリとHashtagオリゴ (HTO) ライブラリはそれぞれ単独で作製されます。そのため、さらなるシーケンシング条件の最適化が可能です。

TotalSeq-B and -C Hashtag 試薬:

- 各フォーマットにつき10種類のヒトサンプル用と10種類のマウスサンプル用Hashtag抗体をご用意しています。
- 抗体由来タグ (ADT) とHashtagオリゴ (HTO) のライブラリは、1つのライブラリとして同時に作製されます。
- シーケンス深度を最適化するために、事前にHashtag抗体の使用濃度の条件検討を行い、最適な条件を用いて抗体染色を行う必要があります。

Nuclear hashing (サンプルが核の場合)

単一核RNA-seqを利用することで、細胞浮遊液を調製することが難しい組織における細胞の状態や生理機能を解析することができます。例えば、ニューロンや脂肪細胞、筋細胞などの特定の細胞が豊富な組織の場合が該当します。単一核RNA-seqは冷凍保存など組織の保存が必要なサンプルの解析にも有用です。これは、冷凍保存した組織から細胞浮遊液を調製することが難しいためです。

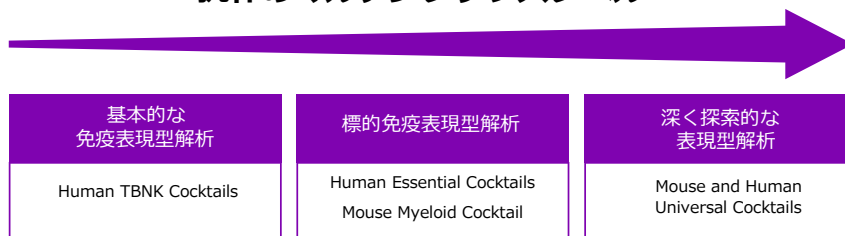
このような解析において、様々なサンプルから分離した核を混合しプールするために開発したのがNuclear Hashing試薬です。核用のHashtag抗体は核膜孔複合体タンパク質 (nuclear pore complex proteins) を認識します。この抗体はヒト、マウス、ラット、アフリカツメガエルや酵母など、様々な真核生物に交差反応を示します。

抗体カクテル

免疫系細胞の特性をさらに高いレベルで解明しましょう

当社のTotalSeq抗体カクテルを用いて、多様な細胞表現型解析を行うことができます。これらの事前選択された抗体で構成されるカクテル製品は、さまざまな単一細胞RNAおよびDNAシーケンワークフローとシームレスに統合され、実験目的に応じて9～数百のタンパク質を同時に解析することができます。

抗体のマルチプレックスレベル



深く探索的な表現型解析を可能にする抗体カクテル

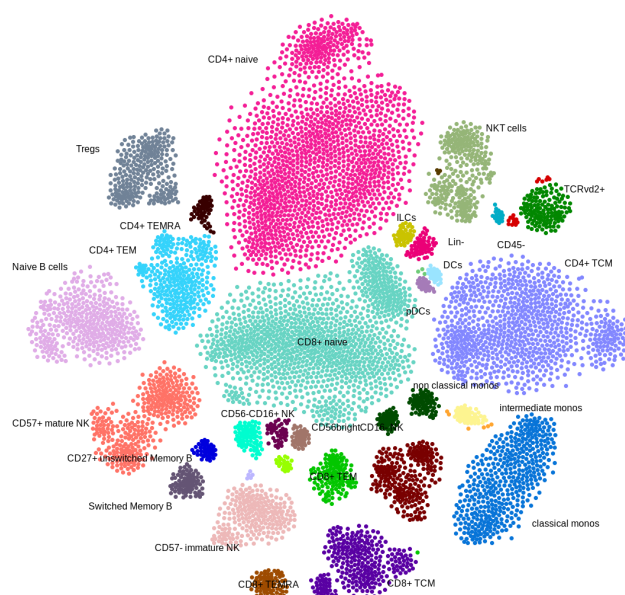
Universal Cocktails

TotalSeqヒトおよびマウスUniversal Cocktailは、最大175種類の一次抗体を含み、大規模なタンパク質検出に有用です。これらのカクテルは、詳細な免疫表現型解析、探索的解析、および新規バイオマーカーの探索を支援するように設計されています。最新バージョンのUniversal Cocktail V2.0は、トランスレーショナルリサーチや免疫腫瘍学のアプリケーションに関連する抗体をより多くカバーし、より高次元で詳細な検証を可能にします。

TotalSeq-C Human Universal Cocktail, V2.0を用いて39種類のリンパ系細胞タイプを同定した。末梢血単核細胞（PBMC）をTotalSeq-C Human Universal Cocktail, V2.0で染色後、10x Genomics Single Cell 5' v2 feature barcoding kitで処理し、Illumina社のシークエンサーで解析した。

サンプルファイルセットを当社のBioLegendのMultiomic Analysis Software (MAS)にインポートして最終的なデータ解析を実施し、細胞表面タンパク質を用いて様々なリンパ系細胞型を同定した。表面マーカーの発現は、新規細胞型のみ付けt-distributed Stochastic Neighbor Embedding (重み付け tSNE) プロットによって示されている。

TotalSeq-C Human Universal Cocktail, V2.0



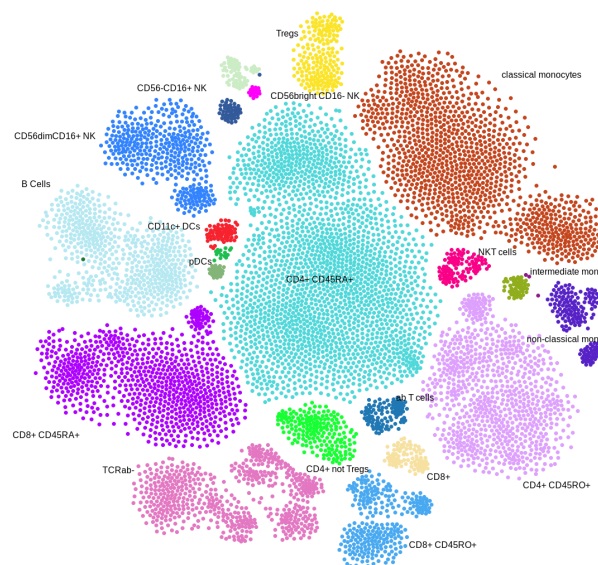
標的型カクテル

Essential Cocktails

The TotalSeq Essential Cocktailは、主要およびサブ系統の免疫細胞型の特徴付けに最も頻繁に引用される100種類の抗体が含まれています。これらのカクテルは、高いマルチプレキシングレベルを保持しつつ、より焦点を絞った表現型の特徴付けを提供します。トランスレーショナル研究および免疫腫瘍学研究に極めて関連性の高い抗体が含まれています。

TotalSeq-C Human Essential Cocktail, V1.0を用いて29種類のリンパ系細胞タイプを同定した。末梢血単核細胞（PBMC）をTotalSeq-C Human Essential Cocktail, V1.0で染色後、10xGenomics Single Cell 5' v2 feature barcoding kitで処理し、Illumina社のシーケンサーで解析した。サンプルファイルセットを当社のMASにインポートして最終的なデータ解析を実施し、細胞表面タンパク質を用いて様々なリンパ系細胞タイプを同定した。表面マーカーの発現は、新規細胞型重み付けSNE上に示されている。

TotalSeq-C Human Essential Cocktail, V1.0



Mouse Myeloid Cocktail

TotalSeq-B Mouse Myeloid Cocktailは、76種類の一次抗体を含み、ミエロイド系主要細胞の表現型同定にご使用いただけます。希少なミエロイド系細胞集団の検出のために、サンプルはあらかじめリンパ系細胞のデプリーションを実施しておくことが強く推奨されます。このカクテルは、酵素処理を行ったマウス脾臓細胞を用いて最適化されています。

Human Heme Oncology Cocktail

TotalSeq-D Human Heme Oncology Cocktailは、42種類の一次抗体を含み、Mission Bio社のTapestryプラットフォームに使用できるよう設計されています。がん研究および関連アプリケーションにおいて、数千の単一細胞における細胞表面タンパク質発現の同時評価と複雑な遺伝子型-表現型関係の解明を可能にします。

基本的な免疫表現型分析

TBNK Cocktails

TBNKパネルは、9種類の一次抗体で構成され、CD3、CD4、CD8、CD11c、CD14、CD16、CD19、CD45およびCD56の発現によって、T細胞、B細胞、NK細胞、および単球を識別できるように設計されています。これらのカクテルは、主要な細胞系統のより正確な同定、クラスティングの改善、および初期CITE-Seqプロトコルの標準化に最適です。他のTotalSeq抗体を追加するためのベースカクテルとしてもご使用いただけます。

バルクエピトープおよび核酸シーケンシング（BEN-Seq）

一般的に、バルクRNAシーケンシングは不均一な細胞集団や組織サンプルのRNA発現を解析するために使用されます。従来、この方法ではタンパク質を同時に検出したり、1回の実験で複数のタンパク質を検出することはできませんでした。単一細胞シーケンスのプロトコルはシーケンシングによるタンパク質検出ができるよう改変されてきましたが、細胞集団全体を使うバルクシーケンスに関しては、これまでそのような方法は開発されていませんでした。

BioLegendとイルミナ社が共同開発したBEN-seqワークフローでは、バルクRNAシーケンスの前に細胞とTotalSeq-A抗体を反応させます。これにより、細胞表面タンパク質とRNAを同時に解析できます。

| BEN-Seqの詳細はこちら：biolegend.com/ja-jp/totalseq/ben-seq

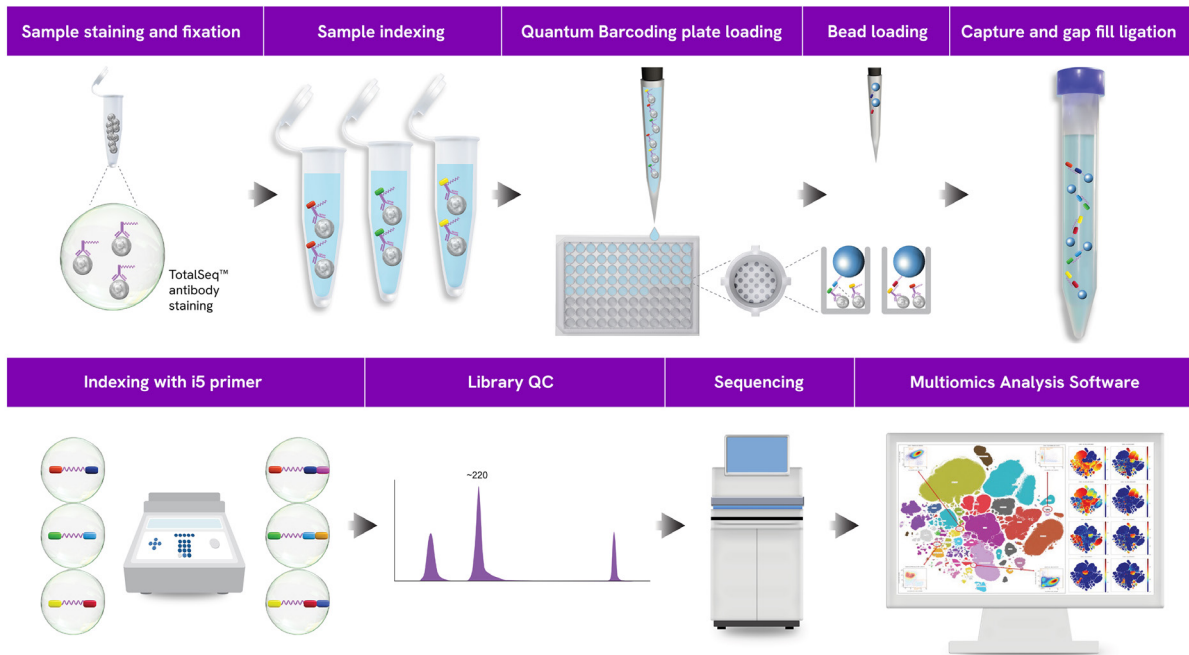
TotalSeq PhenoCyte：高パラメータ単一細胞タンパク質解析

濃度最適化調整済みTotalSeq-A抗体パネルとScale Biosciences社のSingle-Cell Quantum Barcodingテクノロジーを組み合わせることで、TotalSeq PhenoCyteは、スケーラブルなシングルセル免疫プロファイリングのための効率的で機器不要のワークフローを提供します。フローサイトメトリーとシングルセルプロテオミクスの専門知識を融合させたこのキットは、高感度かつサンプルマルチミキシングでハイスループットな解析を可能にします。TotalSeq PhenoCyteは、シングルセル研究の規模と範囲の両面における効率化に役立ちます。

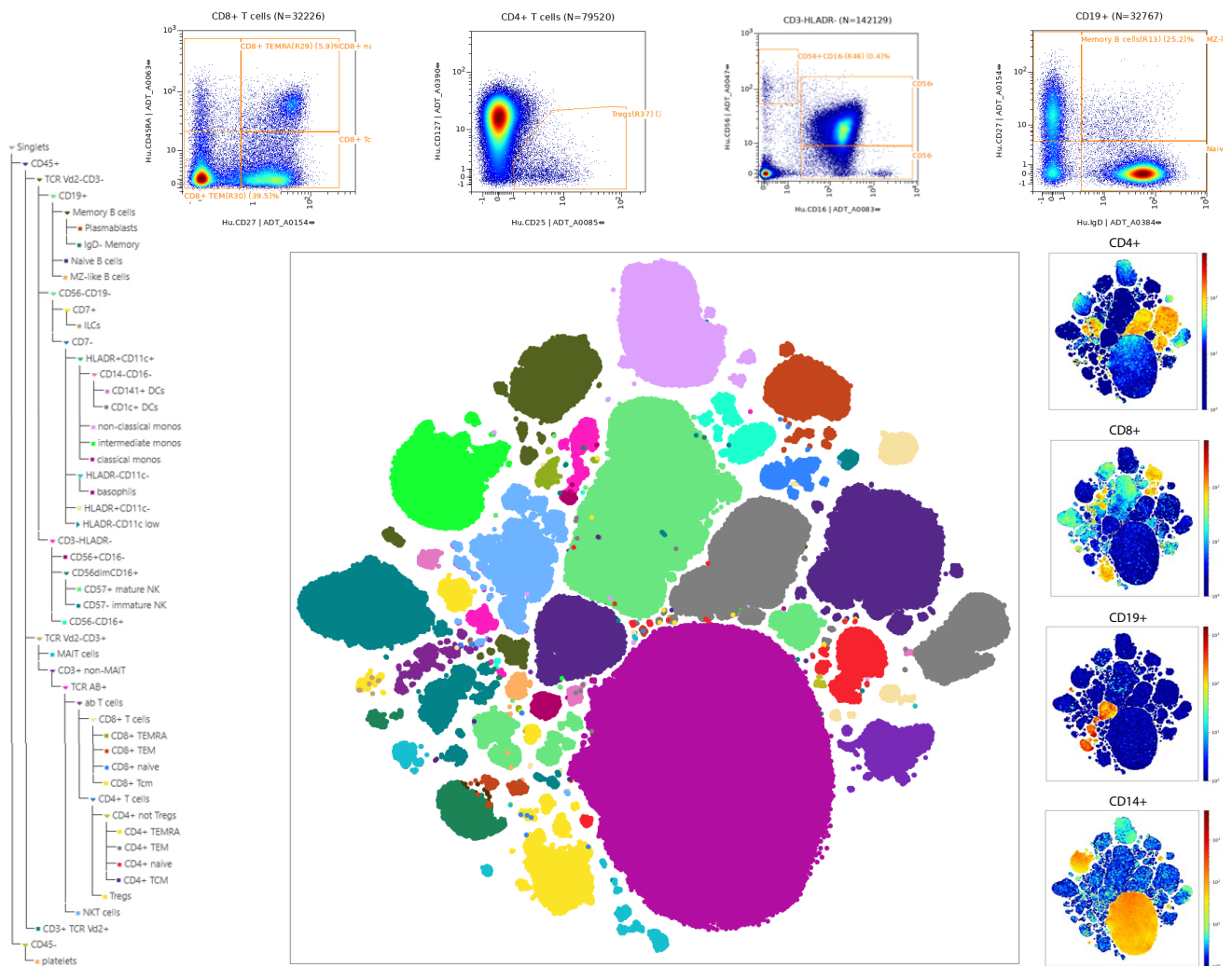
| TotalSeq PhenoCyteの詳細はこちら：biolegend.com/ja-jp/totalseq/phenocyte



TotalSeq PhenoCyte ワークフロー概要



TotalSeq PhenoCyte データ解析



安静時末梢血単核細胞（約120万細胞）をTotalSeq-A PhenoCyte Human Universal V2.0キットを用いてプロファイリングし、175のタンパク質マーカーを検出可能とした。データ解析はTotalSeq PhenoCyteワークフローに従い、BioLegendのMASを用いて実施した。バックグラウンドノイズを最小限に抑えてゲーティングされた51の全集団のうち、特定のサブセットはドットプロットで表示されている。代表的な抗原タンパクの発現量によって色付けされたプロットとともに、予測された全サブセット名が wt-SNEマップに示されている。

TotalSeq-D : 単一細胞タンパク質およびDNA検出

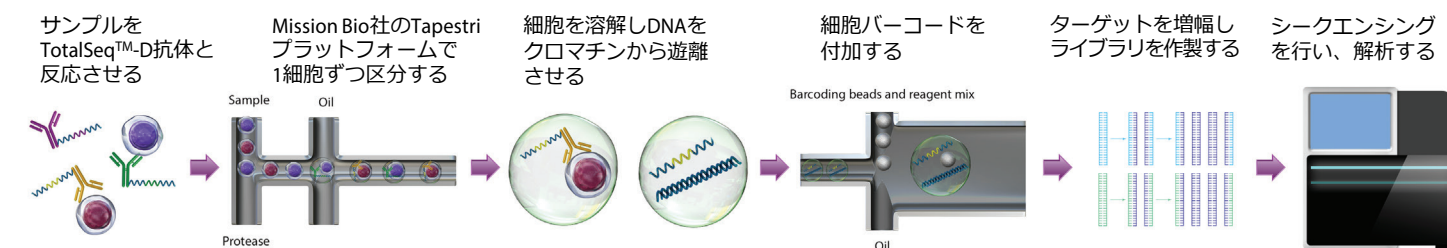
オリゴヌクレオチド標識抗体TotalSeq-Dを用いて、単一細胞レベルでの遺伝子解析とタンパク質発現解析を組み合わせることで、遺伝子型から表現型までの複雑な問題を解決しましょう。単一細胞シーケンシングは、感度を高めて不均一なサンプル中の異なる遺伝子型を分析することが可能です。これは、がんなどの複雑な疾患を理解するために重要です。

タンパク質発現の検出を加えることでさらに多くの情報を取得でき、次のようなことが可能となります。

- 免疫表現型を同時に解析することで、遺伝子型の変異が特定の細胞の種類や状態に関連しているかどうかを調べることができます。
- 新規のターゲット発見にも活用できます。
- 一塩基変異 (SNV) や挿入・欠失変異 (Indel)、コピー数変異 (CNV) とタンパク質を同時に検出することで、遺伝子型と表現型を関連付けることができます。

Mission Bio社のTapestriプラットフォームにBioLegendのTotalSeq-D抗体を組み合わせ、不均一なサンプルにおける遺伝子変異を明らかにし、その変異とタンパク質発現の関連を調べましょう。

タンパク質とDNAを同時に検出するためのワークフロー



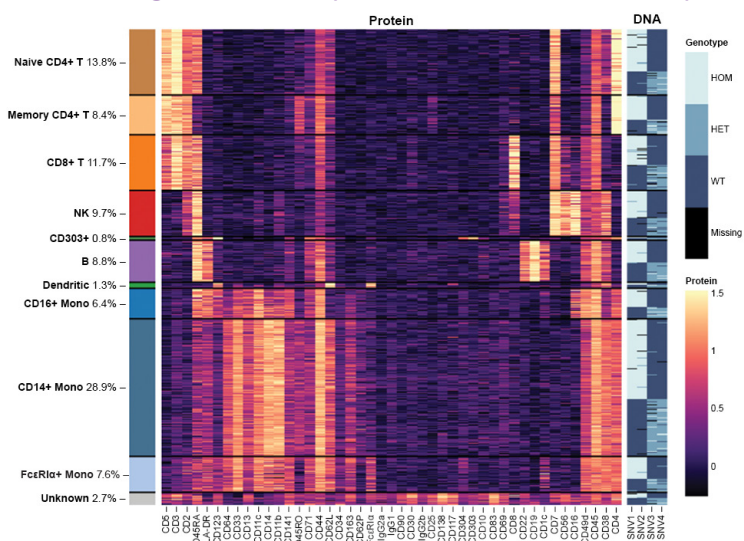
抗体カクテル

TotalSeq-D Heme Oncology Cocktail V1.0は42種類の一次抗体と3種類のアイソタイプコントロールから構成されています。それぞれの抗体は捕捉配列、クローン特異的な抗体バーコード配列、イルミナ社のシーケンシングプラットフォームに互換性のあるPCRハンドルを含むオリゴヌクレオチドが標識されています。事前にタイトレーション済みで、1サンプル分ずつ使い切りのチューブに入っているのご使用に便利です。

TotalSeq-D Heme Oncology Cocktail v1.0 Targets:

CD1c	CD10	CD22	CD45	CD64	CD138
CD2	CD11b	CD25	CD45RA	CD69	CD141
CD3	CD11c	CD30	CD45RO	CD71	CD163
CD4	CD13	CD33	CD49d	CD83	CD303
CD5	CD14	CD34	CD56	CD90	CD304
CD7	CD16	CD38	CD62L	CD117	FcγRI ^α
CD8	CD19	CD44	CD62P	CD123	HLA-DR

Protein cluster signature vs analyte and barcode, subsorted by DNA



2名のドナー由来のPBMCを混合し、TotalSeq-D抗体と反応させた後、Mission Bio社のTapestriプラットフォームで処理した。ヒートマップで視覚化することにより、何千もの細胞にわたって同一細胞から遺伝子型とタンパク質発現のデータを同時に取得できることが分かる。

TotalSeq-D hashtag 試薬

当社のTotalSeq-D Hashtag試薬を使用すれば、Tapestri 1回のランで最大3サンプルを多重化できます。ヒト用Hashtag抗体3種類とマウス用Hashtag抗体3種類をご用意しています。

詳細はこちら: biolegend.com/ja-jp/totalseq/single-cell-dna

Customer Service: 858-768-5800

マルチオミクス解析用ソフトウェア (MAS)

単一細胞マルチオミクスデータの解析には高度なツールと広範な専門知識が必要になります。データをうまく解析できるかどうかは、リソースを利用できるか、そして研究者の皆様がアプリケーションを快適に使うことができるかといった点が重要になります。

データ解析を容易にするために、マルチオミクス解析用ソフトウェア (Multiomics Analysis Software, MAS) を開発しました。

MASはクラウドベースのプログラムで無料でお使いいただけます。バイオインフォマティクスに関する詳細な知識が無くても、CITE-seqデータを素早く簡単に調べることができます。

ソフトウェアの特長

- シンプルで使いやすいユーザーインターフェース
- 任意のWebブラウザから利用可能
- TotalSeq抗体の染色結果に基づく、フローサイトメトリーのようなゲーティングを使用可能
- UMAPやtSNE、TriMAPといった次元削減プロットを作成可能

フローサイトメトリーのようなゲーティングによる細胞の免疫表現型解析

MASのインタラクティブインターフェースにより、フローサイトメトリーのようなゲーティングで細胞の免疫表現型を解析でき、複雑な細胞集団を分析するための正確で直感的なアプローチを提供します。

隠れた細胞集団を明らかにする

MASのクラスタリングアルゴリズムにより、複雑で不均一なサンプリングにおいても、ユニークな細胞サブセットを識別・区別することが可能です。従来の方法では見逃されていた新たな知見の発見を支援します。

データ解釈の効率化

これらの可視化ツールは、大規模で複雑なデータセットを直感的に探索することを可能にし、数百万のデータポイントを実用的な知見へと変換します。

複雑なデータを簡素化

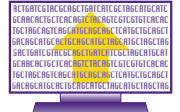
MASは加重t-SNEやUMAPなどの次元削減技術を実施し、データを直感的で読みやすい可視化に変換します。これにより、細胞間の関係性、パターン、異常を簡単に発見できます。

| 詳細はこちら: biolegend.com/ja-jp/totalseq/mas

Multiomics Analysis Software Workflow

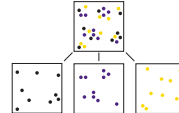
1 UPLOAD DATA

MAS supports count files generated by Cell Ranger or Seurat. For TotalSeq PhenoCite workflows, MAS supports FASTQ files.



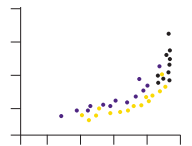
2 REVIEW DEMULTIPLEXING RESULTS

MAS automatically demultiplexes data by sample (when necessary) and filters cells based on UMI complexity.



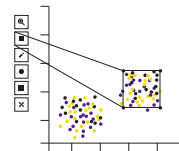
3 PERFORM RNA ANALYSIS

For experiments with RNA data, normalize gene expression and create thresholds for inclusion of genes in downstream analysis.



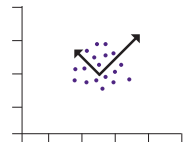
4 ADD GATES

Use flow cytometry-like gating strategies to clean up your data and define cell populations of interest.



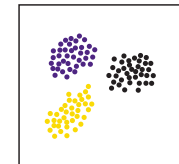
5 GENERATE DIMENSIONALITY REDUCTION PLOTS

Choose from UMAP, tSNE, and TriMap plots.



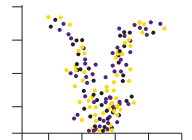
6 CLUSTER CELLS TO UNDERSTAND CELLULAR HETEROGENEITY

MAS uses community detection algorithms to cluster cells based on protein expression.

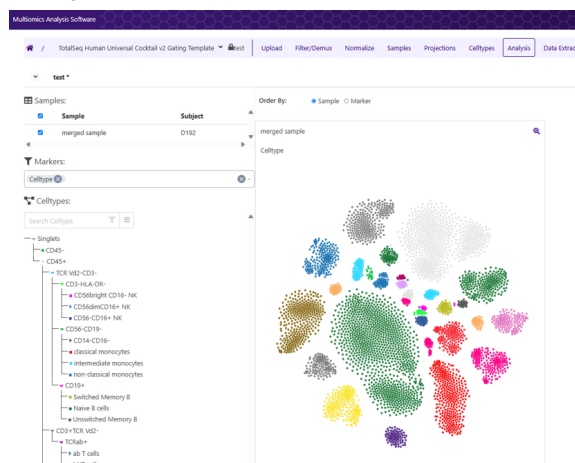


7 EXPLORE INTERACTIVE PLOTS

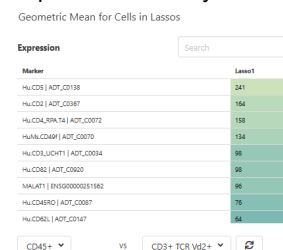
Perform differential expression analysis between cell clusters.



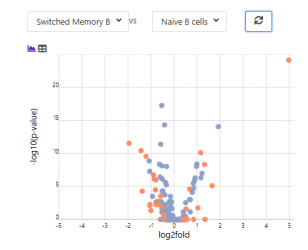
Create interactive plots for easy exploration of single-cell data



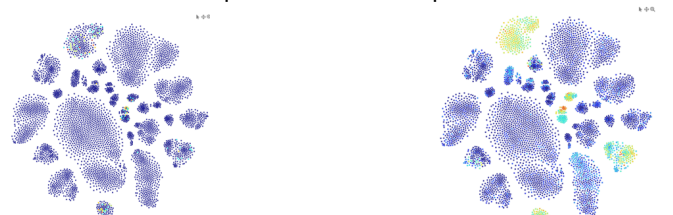
View protein and RNA expression data by cluster



Compare clusters to identify markers of interest



Visualize protein and RNA expression



BioLegend

From Revvity

BioLegend は BioLegend, Inc. の登録商標です。
その他の商標は、それぞれの所有者に帰属します。
ユーザーは、BioLegend製品、プロトコル、またはその他の製品・技術の使用目的に必要なライセンスその他の知的財産権の有無を独自に判断する責任を負い、かかる使用に起因する一切のリスク及び責任を負担するものとします。

輸入販売元

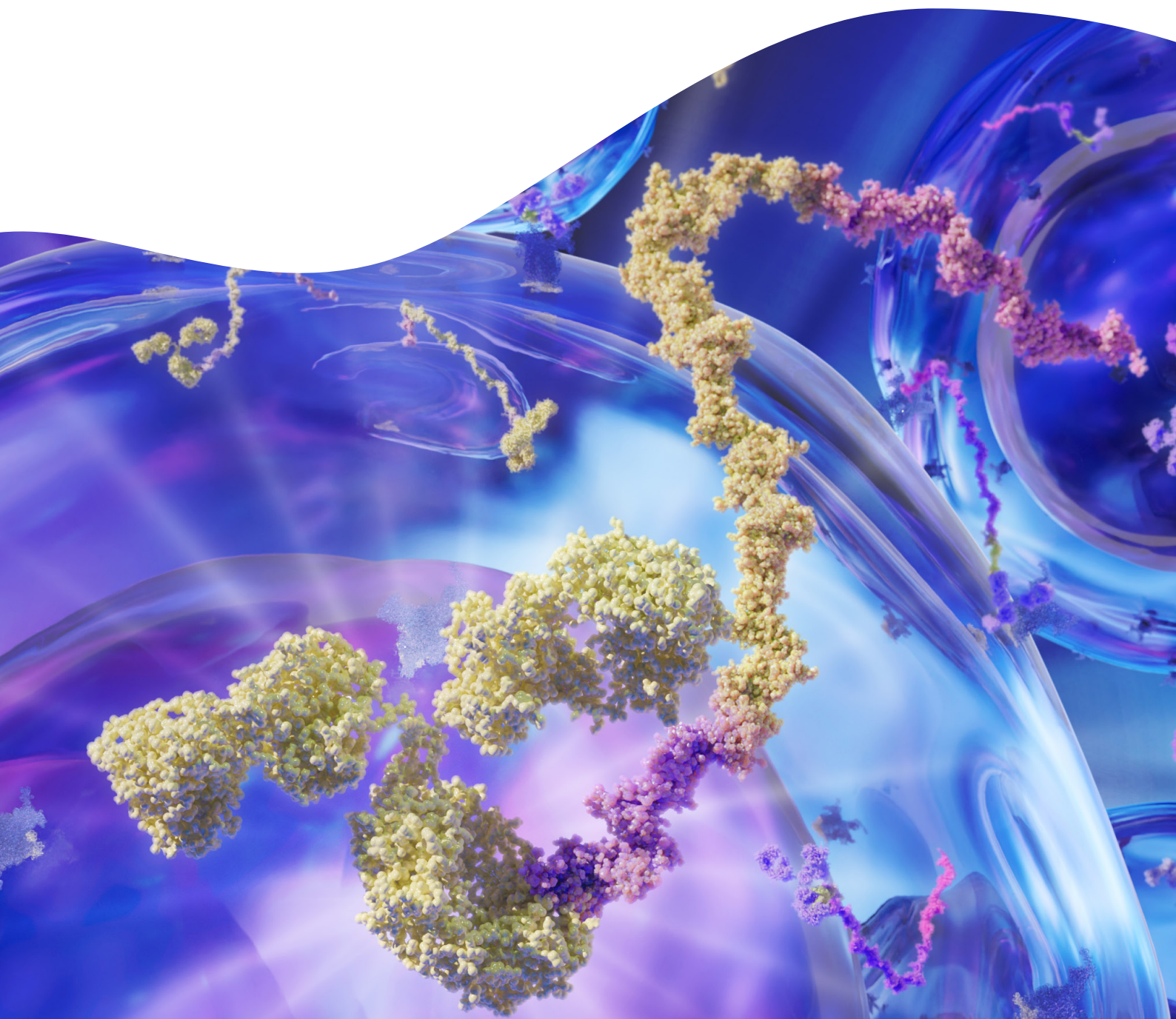


Digital Biology®

トミーデジタルバイオロジー株式会社

〒112-0002 東京都文京区小石川1-1-17日本生命春日駅前ビル 3階

email: info_ap@digital-biology.co.jp phone: 03-6240-0843



revvity

www.revvity.com

Copyright ©2025, Revvity, Inc. All rights reserved.

For research use only. Not for use in diagnostic procedures.

02-0025-03