

# 공간 전사체 데이터의 직관적인 분석

Partek™ Flow™ 소프트웨어의 사용이 쉬운 도구로 온전한 조직 내 전사 활동을 고해상도 이미지로 시각화해 보세요

공간 전사체 분석(Spatial transcriptomics)은 연구자가 조직 샘플 내 유전자 활동 위치를 측정하고 매핑할 수 있는 기회를 제공합니다. 이 혁신적인 분석법은 벌크 RNA-Seq(bulk RNA sequencing)이나 단일세포 RNA-Seq(single-cell RNA sequencing)을 통해 확보한 유전자 발현 맥락(gene expression context)을 확장하고, 정상 상태(native state)인 세포의 전사 프로파일(transcriptional profile)에 중요한 형태학적 맥락(morphological context)을 추가해 줍니다. Partek Flow 소프트웨어는 공간 전사체 분석 데이터의 분석 및 시각화에 손쉽게 사용할 수 있는 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 솔루션입니다.



### 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



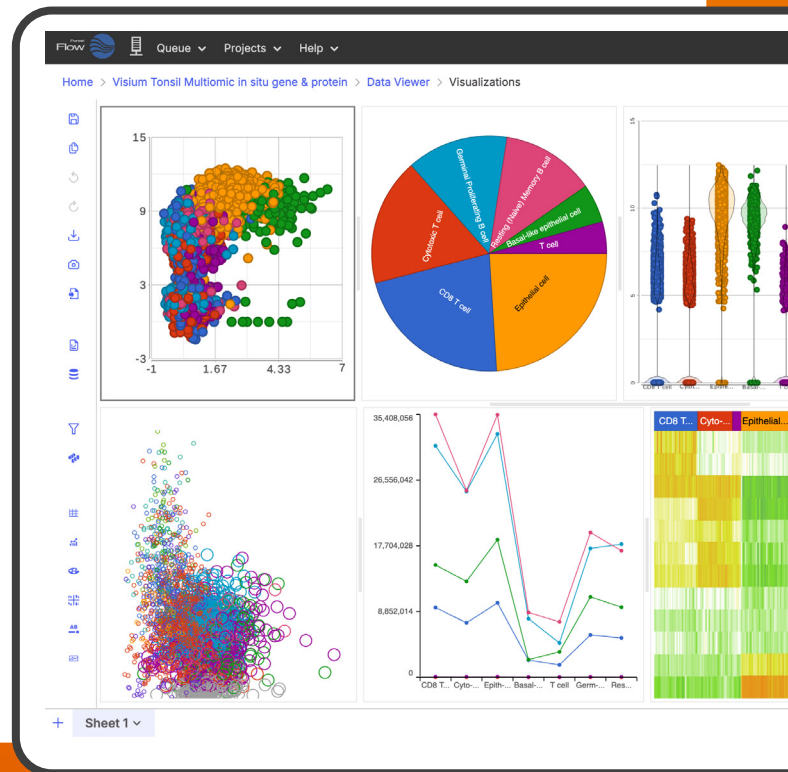
### 강력한 통계 기능

믿을 수 있는 결과를 제공하는 업계 표준 통계학적 알고리즘 사용



### 맞춤화 가능한 워크플로우

시각적으로 맞춤 분석 파이프라인을 구축하고 공동 연구자와 공유



## 강력한 분석 & 시각화 도구

Partek Flow 소프트웨어는 복잡한 조직의 지도 생성, 세포 발달 연구, 면역 레퍼토리(immune repertoire) 매핑, 약물 표적 및 바이오마커(biomarker) 식별 등 연구자가 원하는 공간 전사체 데이터를 손쉽게 분석하고 시각화할 수 있는 도구를 제공합니다.

## 멀티오믹스 통찰력 확보를 위한 플랫폼 간 통합

다양한 오믹스(omics) 데이터 세트를 동시에 분석하면 표현형(phenotype)의 기초가 되는 분자 메커니즘을 파악할 수 있습니다. Partek Flow 소프트웨어는 단일세포 RNA-Seq, CITE-Seq, 항체 포획 시퀀싱(antibody capture sequencing), 세포 해싱(cell hashing) 등 다양한 assay로 확보한 데이터 세트를 통합하여 관심 영역 내 유전자 발현에 대한 종합적인 그림을 얻을 수 있게 해 줍니다.

### 공간 전사체 분석 워크플로우의 단계

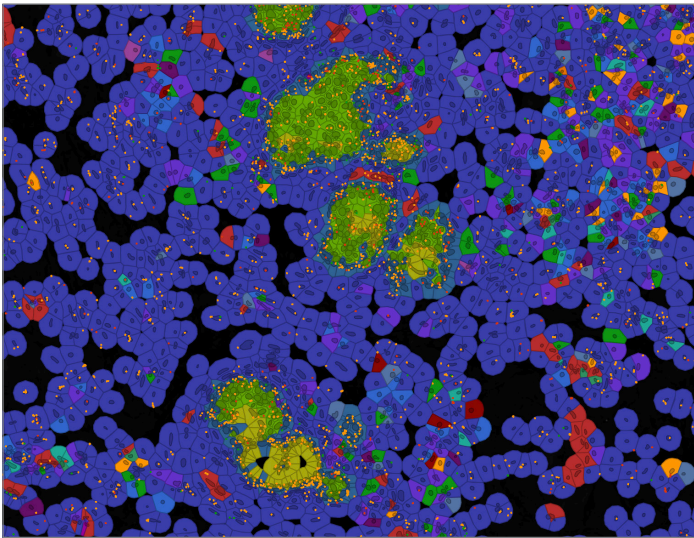


### Partek Flow 소프트웨어의 기능

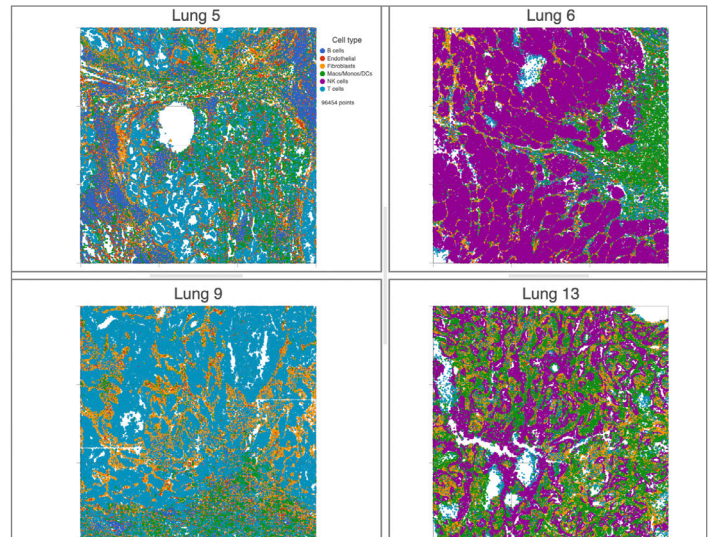
- 유전자 발현의 공간적 분석 및 시각화
- 차원 축소(Dimension reduction) 및 클러스터링(clustering) 실행
- 공간적 맥락에서의 인터랙티브 클러스터 연구
- 여러 샘플의 동시 또는 개별 분석
- 특정 조직 또는 클러스터를 정의하는 바이오마커 발견
- 업계 표준 통계 기법을 사용한 차등 발현 유전자 확인
- GSEA를 통한 생물학적 해석, 유전자 특이적 분석, 경로(pathway) 분석
- 상관관계를 기반으로 다양한 오믹스 층 간 관계 파악

# 다양한 공간 전사체 데이터 탐구 방법

공간적으로 해상된(Spatially resolved) 유전자 발현 데이터를 인터랙티브 그림으로 변환하고, 전사체학 연구에서 얻은 생물학적 통찰력을 최대한 활용해 보세요. Partek Flow 소프트웨어는 단 하나의 플랫폼에서 바로 발표할 수 있는 시각화된 데이터의 생성에 필요한 모든 도구를 제공합니다.

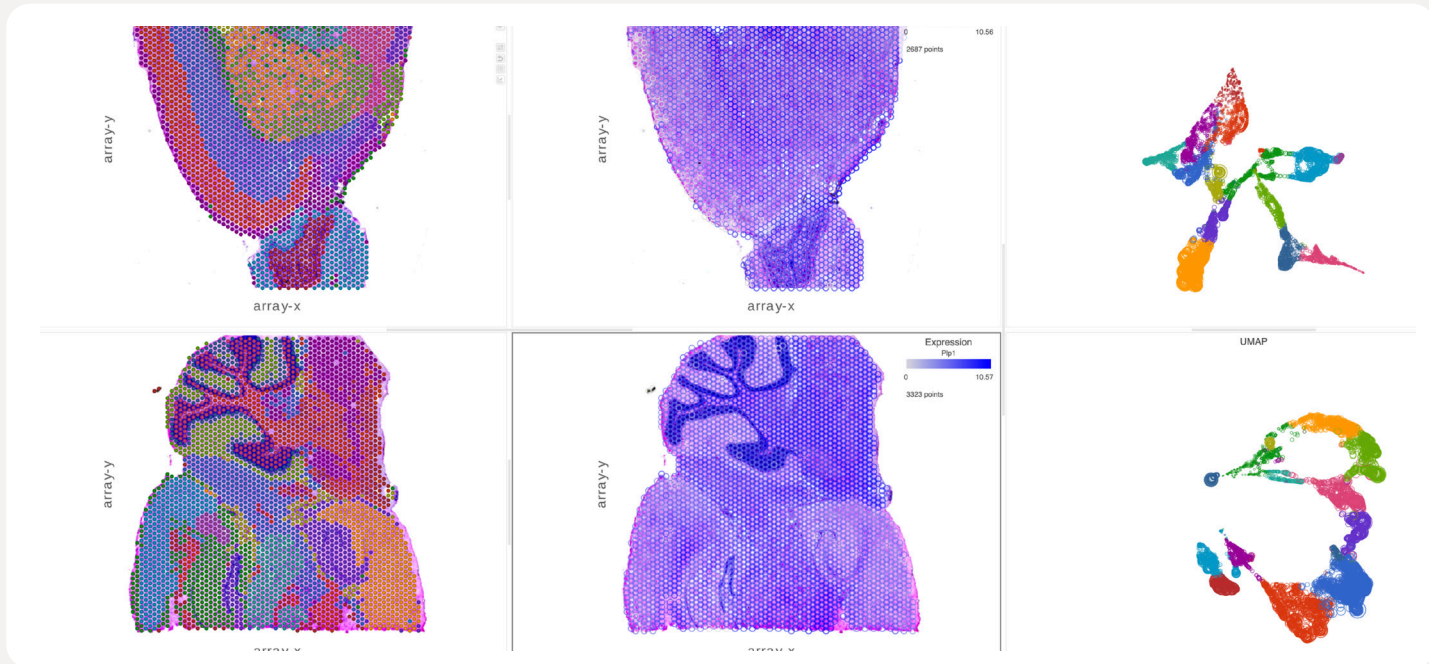


온전한 조직 내 세포 유형을 기반으로 차등 유전자 발현을 확인할 수 있음. 상기 자료는 10x Genomics사의 Xenium 기술로 인간의 유관상피내암(ductal carcinoma in situ, DCIS) 샘플을 사용하여 분석한 결과를 나타냄. 세포는 세포 유형별 색상으로 구분됨

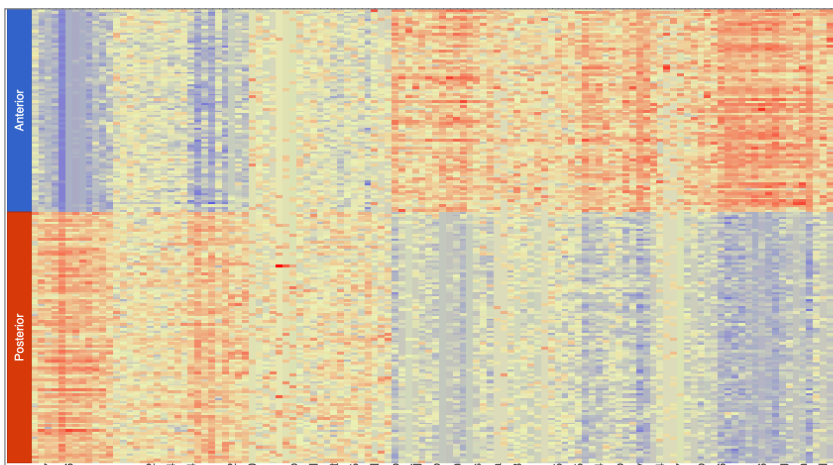


다양한 샘플을 동시에 분석하고 시각화할 수 있음. 상기 자료는 4개의 인간 폐 조직 샘플을 NanoString사의 CosMx Spatial Molecular Imager로 프로파일링한 결과를 나타냄. 세포는 세포 유형별 색상으로 구분됨





조직 데이터와 전사체 데이터를 통합해 나란히 시각화할 수 있음. 좌측 이미지는 조직 스폿에 오버레이한 유전자 발현 데이터의 그래프 기반 클러스터링, 중앙 이미지는 *Pip1* 유전자의 발현 레벨에 따라 색상으로 구분된 조직 스폿, 그리고 우측 이미지는 문측(rostral) 및 미측(caudal) 뇌 단면의 유전자 발현 데이터에 기반한 UMAP으로, 각각의 색상은 그래프 기반 클러스터를 나타냄



히트맵을 활용해 차등 유전자 발현을 연구할 수 있음. 상기 자료에서 행은 조직 영역에서의 유전자 발현 시그니처를, 열은 개별 유전자를 나타냄

**더 알아보기**

Partek Flow 소프트웨어

[데모 신청하기](#)

**약어:** CITE-Seq = cellular indexing of transcriptomes and epitopes by sequencing; GSEA= gene set enrichment analysis(유전자 세트 인리치먼트 분석); QA = quality assurance(품질 보증); QC = quality control(품질 관리); UMA = uniform manifold approximation and projection(균일 매니폴드 근사 및 투영)



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.html](http://www.illumina.com/company/legal.html)을 참조하십시오.

M-GL-03006 v1.0 KOR

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.