

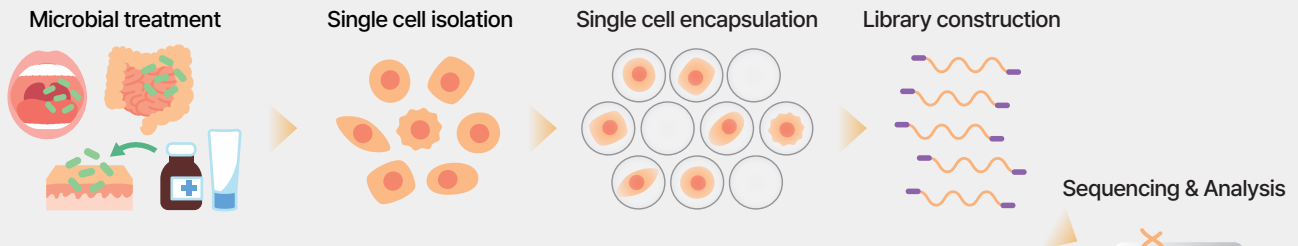
Single Cell Analysis for Microbial Research

Service Introduction

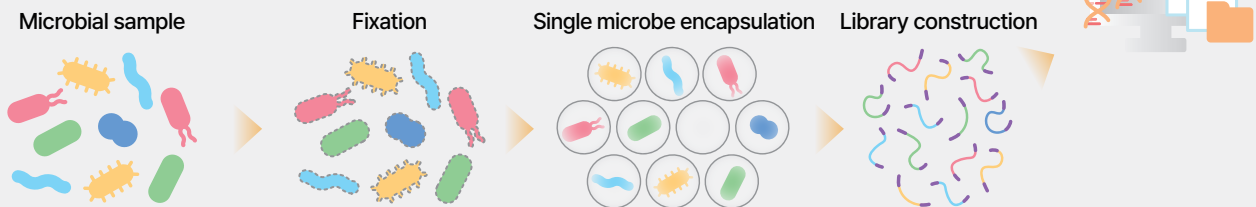
단일 세포 분석 기술은 숙주-미생물 상호작용 분석부터 개별 미생물의 유전체/전사체 정보 분석까지 다양한 목적으로 미생물 연구에 활용됩니다. 로킷제노믹스는 미생물 처리와 연관된 숙주 세포의 변화를 분석하는 Single Cell RNA Sequencing, 개별 미생물의 유전체 정보를 확보하는 Single Microbe DNA Sequencing (smDNA-seq), 개별 미생물의 전사체를 분석하는 Single Microbe RNA Sequencing (smRNA-seq) 서비스를 제공합니다. 특히 smDNA/RNA-seq은 단일 세포 수준의 미생물 분석을 통해 strain-level의 분류 및 기능 규명이 가능하며, 이는 기존의 벌크 단위 분석보다 높은 해상도로 항생제 반응, 병원성 평가, 환경 미생물 다양성 연구 등 마이크로바이옴 분야에 최적화된 솔루션을 제공합니다.

Workflow

Host Cell-Based Single Cell RNA Sequencing



Single Microbe DNA/RNA Sequencing



Main Services

Single Cell RNA Sequencing

- 미생물 처리 시 host 유전자 발현 변화를 단일 세포 수준에서 분석
- 다양한 조직 샘플에서 고품질 단일 세포 분리 서비스 제공

Single Microbe DNA Sequencing

- 미생물 5,000개 이상의 유전체를 단일 세포 수준에서 분석
- Whole genome assembly 및 strain-level 분류 가능
- 유전자 변이, 항생제 내성 등 정밀한 유전적 특성 확인

Single Microbe RNA Sequencing

- 미생물 5,000개 이상의 전사체를 단일 세포 수준에서 분석
- 그람양성/음성균 모두 포함하여 여러 미생물종 동시에 분석 가능
- 클러스터링 분석, 대사 경로 재조정 등 기능적 이질성 탐구

Key Features

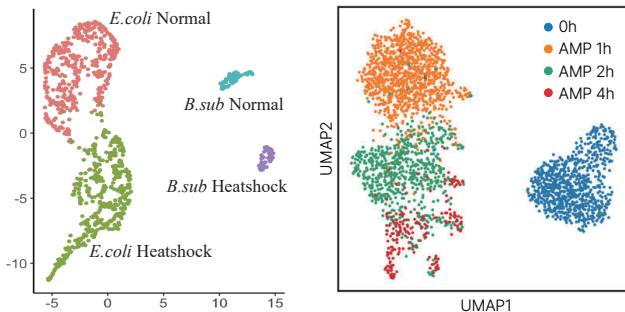
- ✓ **High-Throughput Approach**
수천 개 이상의 세포 또는 미생물을 한꺼번에 분석
- ✓ **Strain-level Resolution**
기존 metagenome 분석보다 높은 해상도로 분류
- ✓ **Detection of Rare Microbes**
희귀 미생물종도 단일 세포 수준에서 검출 가능
- ✓ **Functional Heterogeneity Profiling**
개별 세포의 유전자 발현 패턴을 분석하여 기능적 다양성 확인
- ✓ **Antibiotic Response and Host Interaction**
항생제 반응 및 미생물-숙주 상호작용을 단일 세포 해상도로 파악

Service Information

	scRNA-seq	smDNA-seq	smRNA-seq
Sample type	Cell, tissue, organoid, blood 등	Cultured cell, feces, saliva, soil, water 등	Cultured cell
Requirements	1×10 ⁶ cells Cell viability > 70%	2×10 ⁶ cells Cell viability > 90%	1×10 ¹⁰ cells Cell viability > 85%
Single cell platform	10x Genomics, BD Biosciences, MobiDrop	MobiDrop	MobiDrop
Number of captured cells	5,000~50,000	6,000 이상	최대 20,000
Bioinformatics	Clustering, DEG, functional annotation, cell type annotation, trajectory analysis, cell-cell interaction, pathway enrichment	Whole genome assembly, strain-level taxonomic classification, horizontal gene transfer, host-phage association	Clustering, DEG, pathway enrichment, trajectory analysis, plasmid & virus analysis, antibiotic resistance & virulence gene analysis

Data Analysis

Clustering (UMAP)



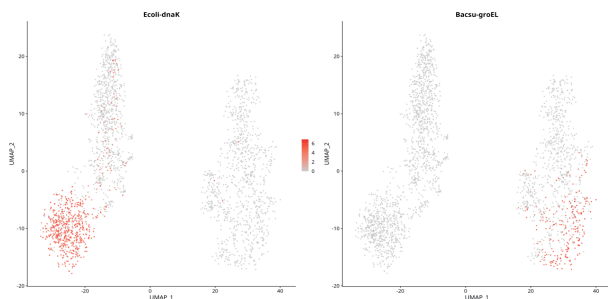
Virus annotation

phage_ID	phage_name	assemble_type
NC_028902.1	Enterobacteria phage F1 4184 b, complete genome	complete_genome
NC_029014.1	Parabacteroides phage YZ-2015b, complete genome	complete_genome
NC_029012.1	Parabacteroides phage YZ-2015a, complete genome	complete_genome

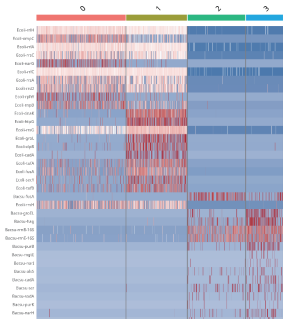
Antibiotic resistance & Virulence annotation

sseqid	name	description
NG_049084	blaEC-19	CEPHALOSPORIN extended-spectrum class C beta-lactamase EC-19
NG_049083	blaEC-18	CEPHALOSPORIN extended-spectrum class C beta-lactamase EC-18
NG_067136	blaCMY-169	CEPHALOSPORIN class C beta-lactamase CMY-169

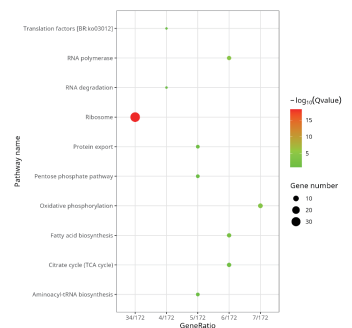
Feature plot



Heatmap



Pathway enrichment



(주)로킷제노믹스
ROKIT Genomics Inc.

☎ 1644-7203

✉ genomics@rokit.co.kr

🌐 www.rokitgenomics.com

📍 서울특별시 금천구 디지털로10길 9, 12층

12F, 9, Digital-ro 10-gil, Geumcheon-gu, Seoul, 08514, Republic of Korea