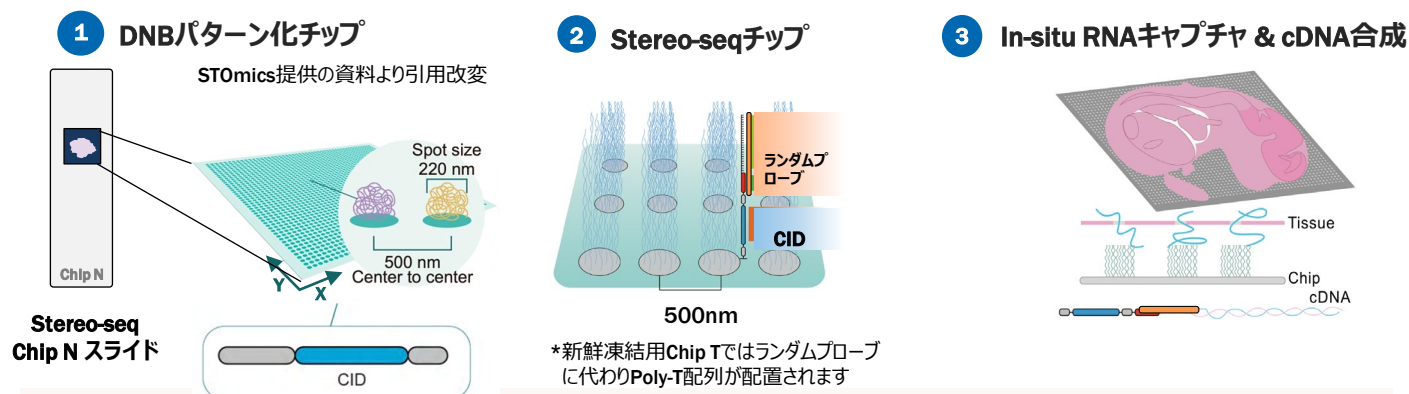


超高解像度 空間的発現解析 Stereo-seq 受託サービス

あらゆる生物の遺伝子発現を、空間ごと、網羅する

Stereo-seqは、組織切片上の遺伝子発現を網羅的に捉える空間トランスクリプトーム技術です。位置情報をもつ高密度なプローブでRNAを捕捉し、シーケンスによって解析するため、標的遺伝子をあらかじめ選ぶ必要がなく、ヒト・マウスに限らない幅広い生物種で探索的な解析が可能です。さらに「高解像度」と「広視野」を両立し、局所的な発現変化から組織全体の分子パターンまでを一度に可視化。FFPEサンプルにも対応しています。

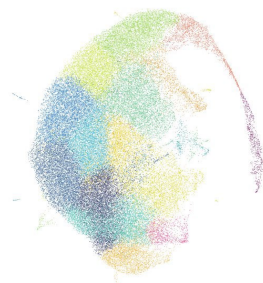
DNAナノボール(DNB)技術により組織内の遺伝子発現を細胞スケールでマッピング



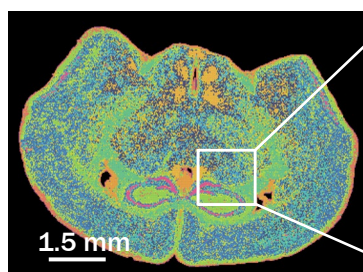
- ✓ ヒト、マウス以外の生物種にも対応。 **NGSにより転写物の塩基配列そのものを取得**
- ✓ 新鮮凍結用チップでは、Poly-Tプローブにより、mRNAを高感度かつ網羅的に検出。
- ✓ FFPE用チップでは、ランダムプローブによって分解の進んだRNA断片を効率的に捕捉。mRNAだけでなく lncRNAや宿主に感染した細菌叢も検出可。FFPE v1.1 で遺伝子検出感度が大幅に増大。

GENEWIZ検証結果（マウス全脳 FFPE 冠状面）

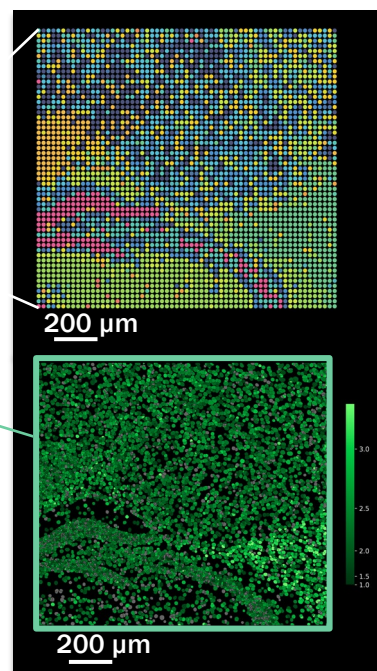
UMAPによるクラスタリング



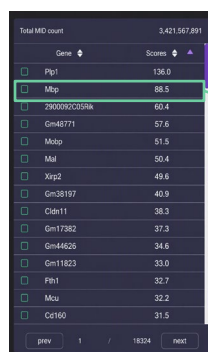
クラスターの空間分布 (Bin50)



拡大図



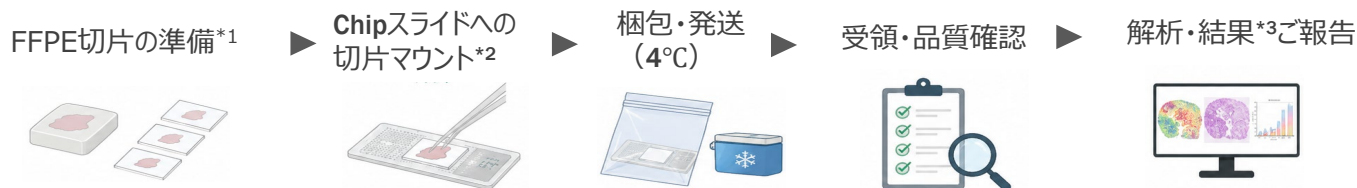
基本統計情報		現行Ver	旧Ver
取得データ量(M read)		1,888	3,502
マッピング率		85.5%	80.8%
Bin20 (10 μm) での感度	平均検出遺伝子数	314	100
	平均UMI値	380	305
Bin200 (100 μm) での感度	平均検出遺伝子数	8,053	3,852
	平均UMI値	36,469	29,490



代表マーカー遺伝子 (Score順)

上図領域における Mbp遺伝子の発現パターン

1 プロジェクトのご相談 2 お見積り・ご注文 3 サンプルご提出：専用Chipスライドへ切片をマウントしてご提出



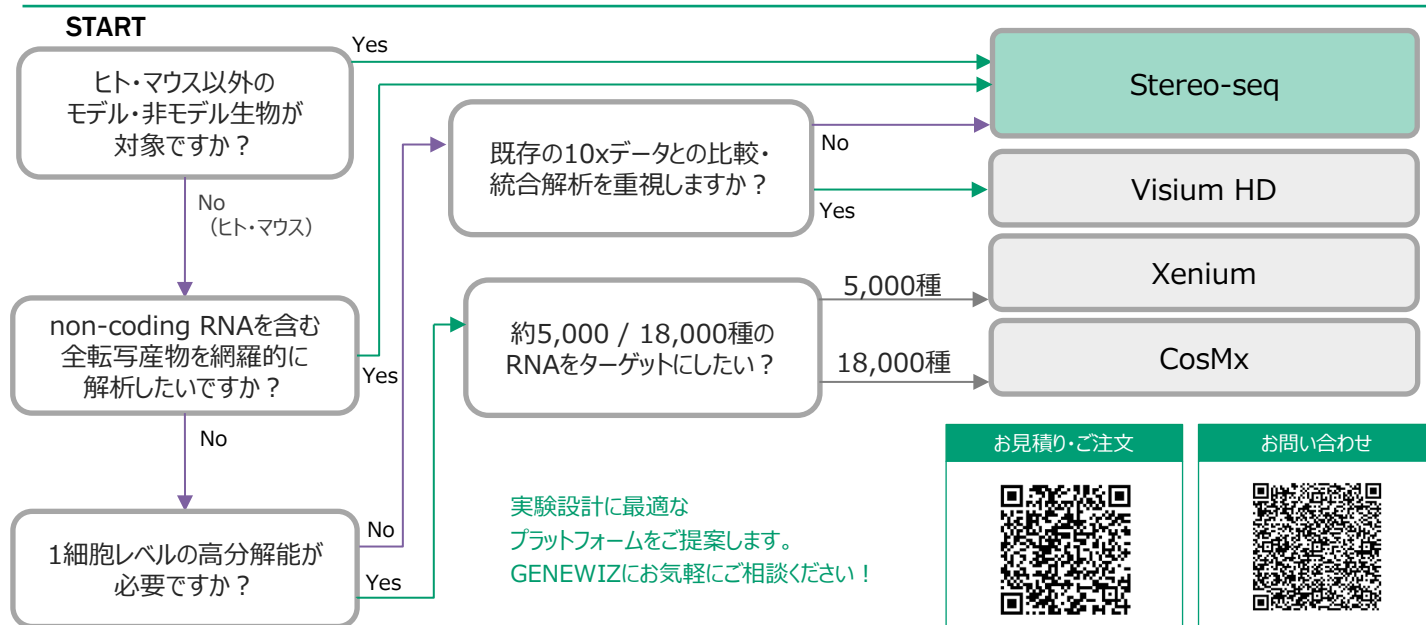
*1. 切片状態でのご提出も可能です（弊社でChip-Nにマウント） *2. 切片貼付直前にChipのコーティングが必要です（FFPE v1.1 より必須）
*3. SAWパイプラインによる一次解析（標準仕様）

FFPE対応版と凍結切片版との比較

項目	FFPE切片 v1.1	凍結切片 v1.3
解像度	高 (500 nm)	高 (500 nm)
標準切片厚	5 μ m	10 μ m
対象切片上でのH&E染色	非対応 *1	対応
RNAキャプチャ方式	ランダムプローブ	Poly-T配列
感度（検出遺伝子数）*2	4,000-10,000 (Bin 200)	4,000-10,000 (Bin 200)
検出対象遺伝子	Non-coding RNAを含む全転写物	Poly-A mRNA
RNA 検出対象領域	全転写領域	3' 端
推奨シーケンス条件（目安）	2,500-3,000M PE reads (DNBSEQ G-400 FlowCell 約2枚分)	1,500-2,000M PE reads (DNBSEQ G-400 FlowCell 約1枚分)

*1. FFPE v1.1では、対象切片上でのH&E染色は非対応です。形態情報が必要な場合は、連続切片でのH&E染色を推奨します。
*2. 弊社検証結果および開発元のSTOmicsでの検証結果に基づく目安。いずれも中央値。検出遺伝子数は、サンプルの種類や品質によって異なります。

GENEWIZ 空間発現解析プラットフォーム



GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社)

〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号
NFパークビルディング4階

電話 : 03-6628-2950 (平日 9:00~18:00)
FAX : 03-6628-2951
メール : sales.japan@azenta.com
WEB : www.genewiz.com/ja-JP

取扱店・代理店 記入欄

