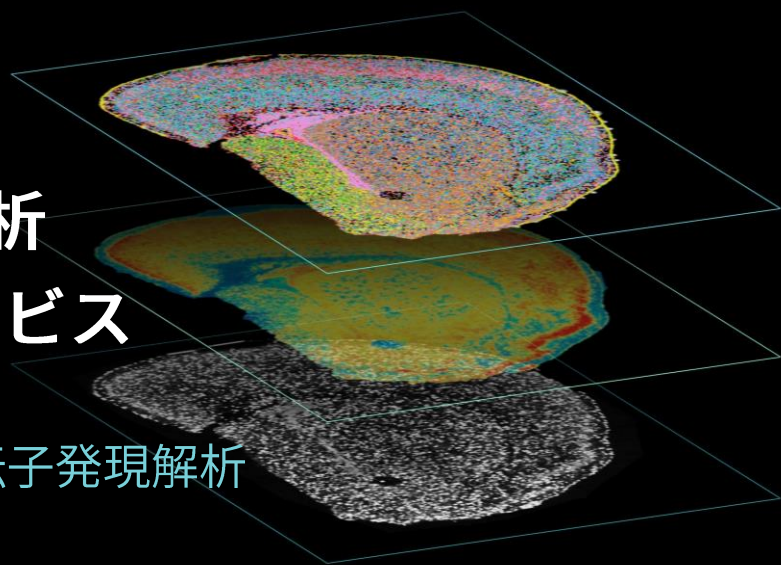


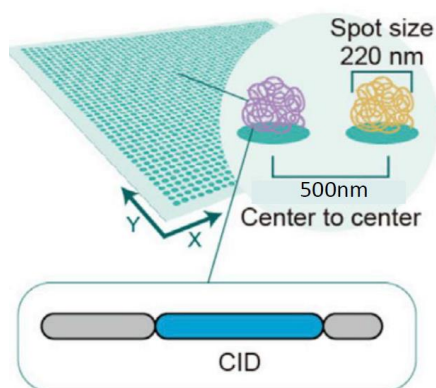
超高解像度 空間発現解析 Stereo-Seq 受託サービス

1細胞以下の解像度での空間遺伝子発現解析
国内ラボ初の受託開始！



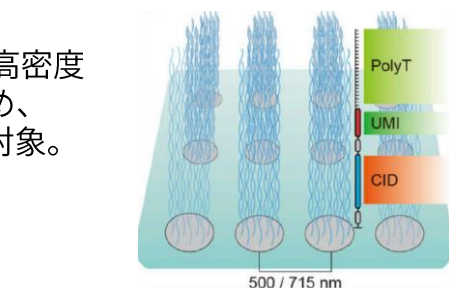
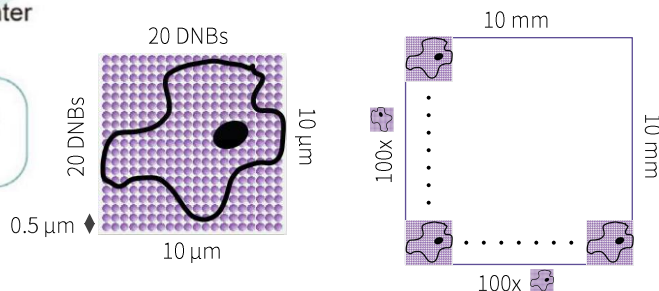
01

DNA Nanoball (DNB) を用いた新技術



メーカー提供の資料より引用改変

- 直径0.22 μm の極小サイズのスポットによりサブセラーレベルの解像度を実現。
- 検出可能な組織サイズは1 cm x 1 cm
- 1 cm x 1 cmあたり 4×10^6 スポットの超高密度
- Oligo dTでpoly-A mRNAを捕捉するため、原理上、発現している全mRNAが検出対象。



左図は、細胞サイズ10 μm に対するDNBの配置数。黒線での輪郭が細胞、黒点が核を意味。10 μm 四方 (Bin20) の面積に400のスポットが存在。

02

受け入れ可能なサンプルタイプ

- 専用チップにマウントされたヒト・マウスのOCT凍結切片
 - * 包埋は指定の手順に基づく。すでに凍結保管されている検体については原則対応不可。
 - * ヒト、マウス以外は応相談。組織タイプにより対応の可否あり。
 - * 専用のチップスライド = Chip PおよびChip T = は弊社より提供。

03

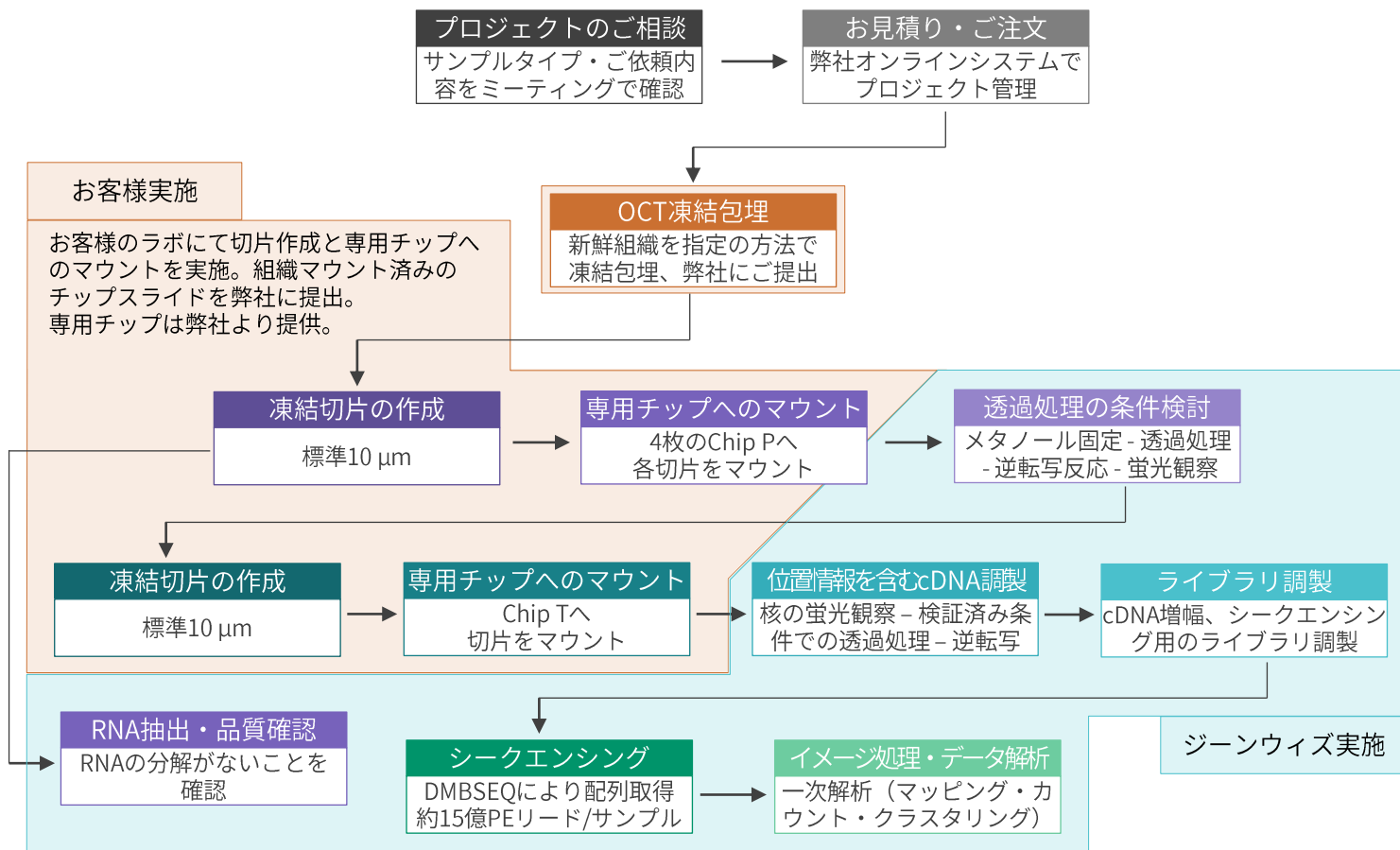
受託解析の仕様 - 全工程をジーンウィズ国内ラボにて実施

- 組織透過条件の検討 (Chip P スライド1枚・サンプルあたり4条件)
- 空間発現解析用のライブラリ調製 (Chip Tスライド1枚)
- シーケンシング (サンプルあたり約15億ペアエンドリード)
- データ解析 (SAWパイプラインでの一次解析)

納期は組織切片マウント済みのChip Tを弊社にご提出いただいてから約1-1.5か月。価格はお問い合わせ。



サービスご提供と解析作業の流れ

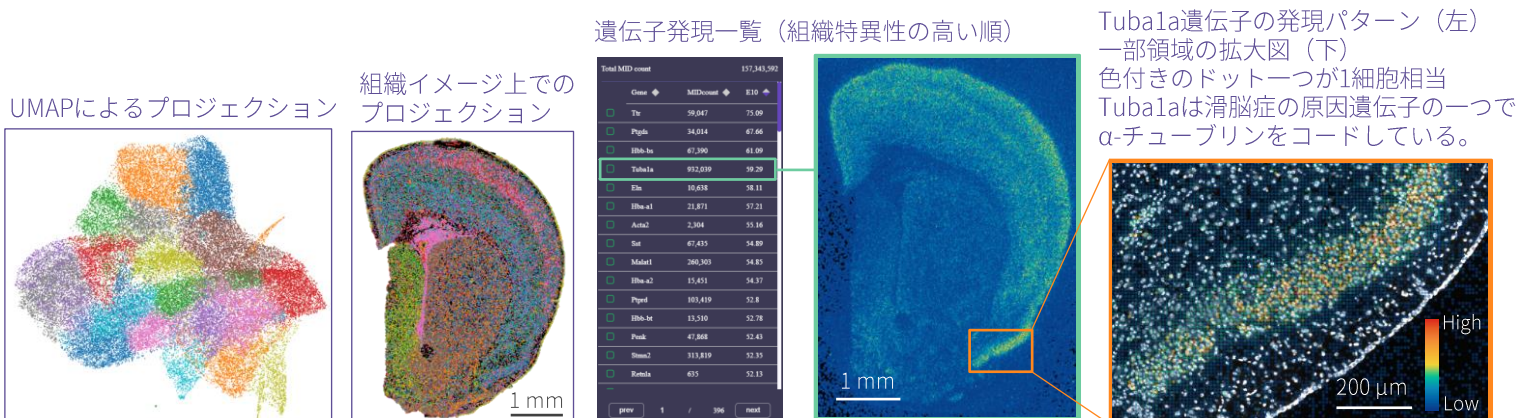


納品物の概要

- 生データFASTQ
- Stereo-seq Analysis Workflow パイプライン出力一式
 - ・ 解析レポート (リード数、検出遺伝子数等の統計値)
 - ・ StereoMapに読むためのファイル (遺伝子発現・クラスタリング結果など)
- Stereopy Workflowによる出力ファイル
 - ・ マーカー探索等 (パイプライン検証中)

弊社ジーンウィズ検証結果

- マウスP7 右脳 冠状面
- 切片厚 10 µm、組織サイズ約3.5 x 4.9 mm
- シークエンス 1.5G PEリード
DNBSEQ-G400, 1 flow cell
- 検出遺伝子数 (各解像度での中央値)
9,666 (Bin200)、448 (Bin20 - 1細胞相当)



©2023 Azenta Life Sciences, Inc. 本サービスは研究用のみに使用できます。診断目的に使用することはできません。GENEWIZ (ジーンウィズ) は、マルチオミクス受託サービスを提供する、Azenta Life Sciences (アゼンタ株式会社) のブランドです。当印刷物に記載されている会社名および商品名などは、各社の商標または登録商標です。本印刷物記載の内容は2023年11月現在のものです。



アゼンタ株式会社 (旧社名 日本ジーンウィズ株式会社)
〒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 4F
電話: 03-6628-2950 FAX: 03-6628-2951 メール: sales.japan@azenta.com
ウェブ: <https://www.genewiz.com/ja-JP>

代理店・取扱店記入欄