

GeoMx[®] デジタル空間オミクス受託解析サービス

空間トランスクリプトミクスおよび空間プロテオミクス解析を提供するサービスこれまでのシングルセルシーケンスでは失われてしまう位置情報を保持しつつ同じ表現型を持つ細胞集団の比較解析が可能

1枚の同一切片スライド上で組織を傷つけずヒト、マウスの全トランスクリプトーム (WTA) 18,000~20,000 遺伝子およびヒトプロテオーム (IPA) タンパク質 570 種類以上のタンパク質を解明

GeoMx DSP は、空間マルチオミクス技術の分野において、ハイスループットと組織学主導型の多細胞プロファイリングに特化した独自の地位を確立しています。

核心的な優位性と戦略的ポジショニング

GeoMx DSP の主な優位性は、従来の病理学的な形態学的コンテキストを維持しながら、ハイスループットでデジタル定量化を行う能力にあります。

病理学と分子プロファイリングの統合: 組織スライド上の特定の病理学的に定義された関心領域 (ROI) (例: 腫瘍塊、間質) に焦点を当て、RNA (最大 18,000 遺伝子) およびヒトタンパク質 (最大 570 タンパク質) の空間的に解像されたデジタル定量化を実現します。

サービス概要

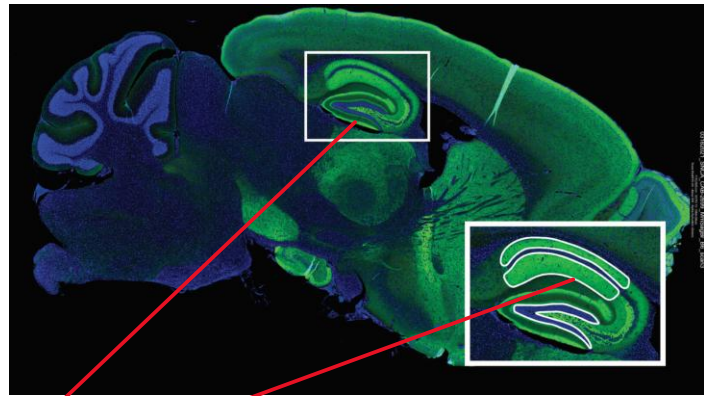
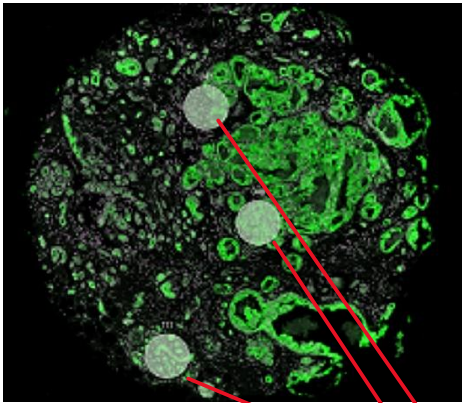
本サービスは、ナノストリングテクノロジーの革新的な GeoMx® DSP (Digital Spatial Profiling) システムを使用し、お客様からお預かりした組織サンプル (FFPE、凍結切片) の空間的な遺伝子およびタンパク質の発現プロファイルを高精度に解析します。これにより、組織形態を維持したまま、特定の細胞や微小環境における分子プロファイルを詳細に把握でき、単一細胞レベルのデータだけでは見過ごされがちな、細胞間コミュニケーションや局所的な分子動態を明らかにします。



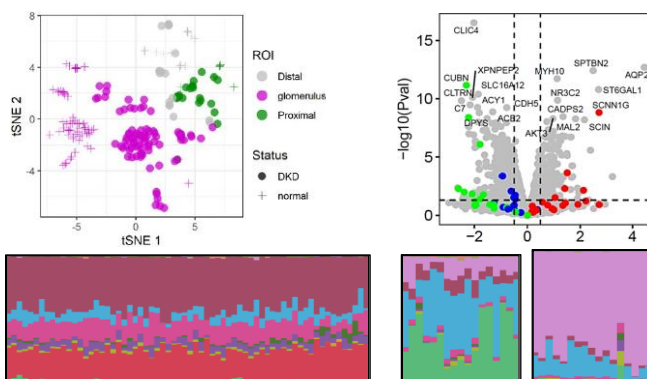
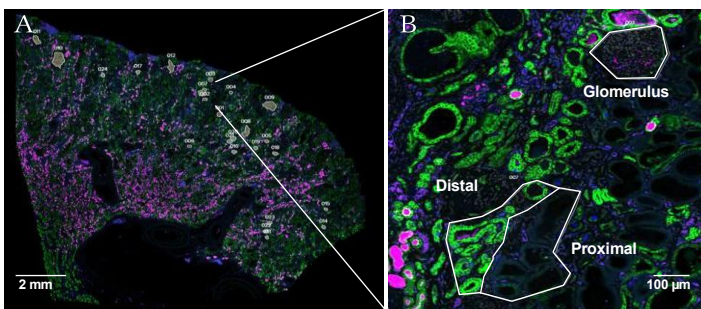
■ GeoMx Human / Mouse Whole Transcriptome Atlas

【価格 1,750,000 円(税別)~】

(GeoMx Human/Mouse WTA) は、18,000~20,000 種類以上のタンパク質コード遺伝子について偏りのない情報を提供します。GeoMx Hu WTA は、新たに探索すべきパスウェイを指し示し、腫瘍学、免疫学、神経科学、発生生物学をはじめとする様々な領域で GeoMx による RNA プロファイリングを可能にします。GeoMx Human/Mouse WTA を利用することで、FFPE 検体や新鮮凍結検体でも、堅牢で高感度な解析が行えます。

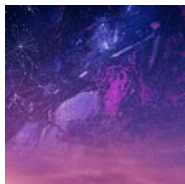


ROI(関心領域)



GeoMx ソフトウェアは、単一細胞分解能での組織全体の可視化と高度な ROI 選択を独自に組み合わせ、組織切片の包括的な空間プロファイリングを可能にします。完全に統合されたワークフローは、画像データに対応するプロファイリングデータに追跡し、ユーザーはデータ収集からデータ分析まで簡単に移動し、リアルタイムでどちらのデータタイプでも操作できるようにします。

Data Analysis Suite には、品質を評価するための複数のオプションが用意されています



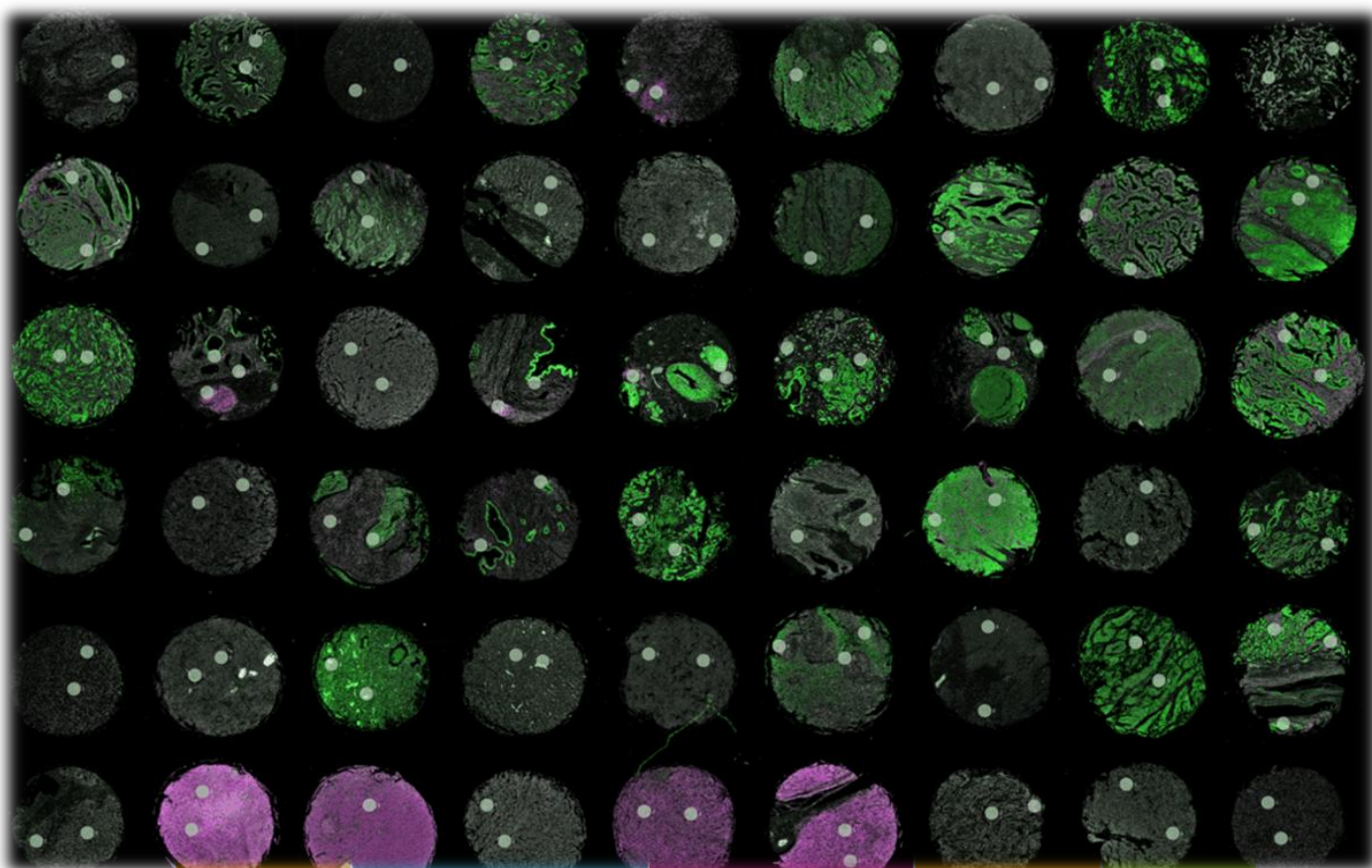
■ GeoMx® IO Proteome Atlas

【価格 1,950,000 円(税別)~】

GeoMx IO Proteome Atlas を使用して、アブカムの 免疫腫瘍抗体カタログの情報を得て、570 種類以上のタンパク質の空間的プロファイリングによる次のブロックバスター創薬ターゲットを探索しましょう。

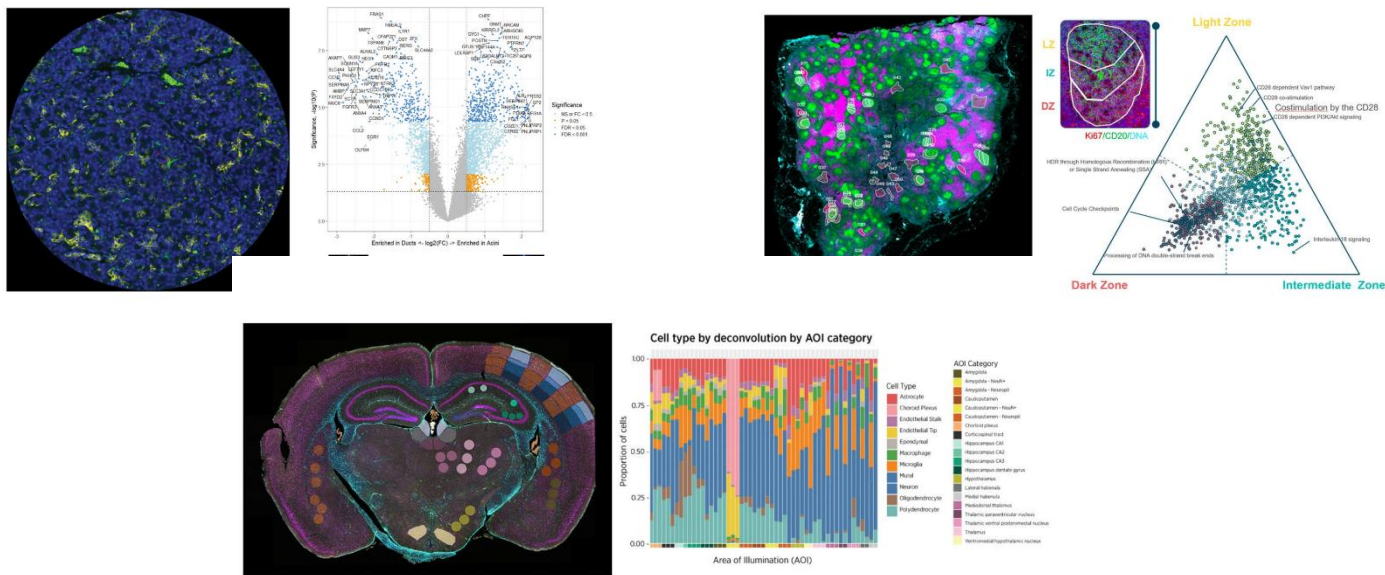
従来のプロテオミクス研究に再定義をもたらす

GeoMx IO Proteome Atlas (IPA) は、がん免疫療法 (IO) 研究のためのアブカム社 IHC 検証済みヒト抗体のほぼすべてを搭載しています。最高のハイプレックス空間プロテオミクスパネルとして、FFPE 検体での幅広いバイオマーカー探索を実現し、トランスレーショナル研究に貢献します。腫瘍や微小環境、免疫浸潤などのさまざまな組織コンパートメントでの、570 種類以上のタンパク質を非破壊的にプロファイリングすることにより、新規タンパク質バイオマーカーや創薬ターゲットを速やかに発見することが可能です。従来の免疫組織化学 (IHC) 法や免疫蛍光 (IF) 法に比べ、スライド1枚からより包括的な生物学的情報を獲得できる GeoMx IPA は、組織学的研究に適したワークフローを備え、シームレスな導入が可能です。



1枚のスライド上で570種類以上のタンパク質を解析

(同一組織スライド検体で Whole Transcriptome も解析可能)



GeoMx IPA がよい理由とは？

01: 次のブロックバスター薬となるがん免疫領域の創薬ターゲットの探索

GeoMx IO Proteome Atlas が、次の PD-1/PD-L1 発見を支援します。

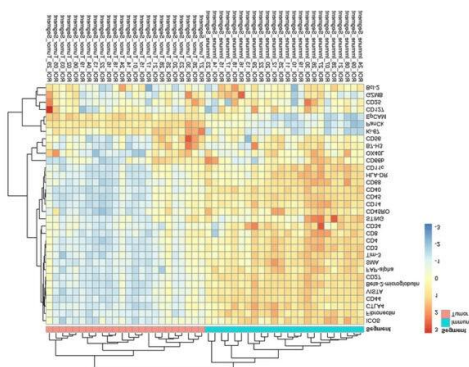
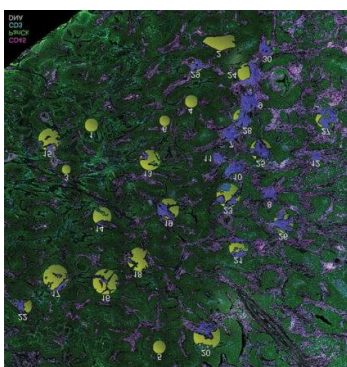
02: 世界最大の IHC 検証済み抗体パネルのスクリーニング

1枚のスライドで570種類以上のヒトターゲットの発現を調べた後、オープンソースクローン情報をアブカム社に提供し、下流研究として IHC 検証を実施

03: 新たなマルチオミクスバイオマーカーを最初に発見

空間プロテオゲノムワークフローにより、1枚のスライドでヒト全トランスクリプトーム (WTA) および IO プロテオーム (IPA) 発現解析を実現

04: カスタマイズにより、任意のタンパク質ターゲットを最大 40 種類以上追加可能

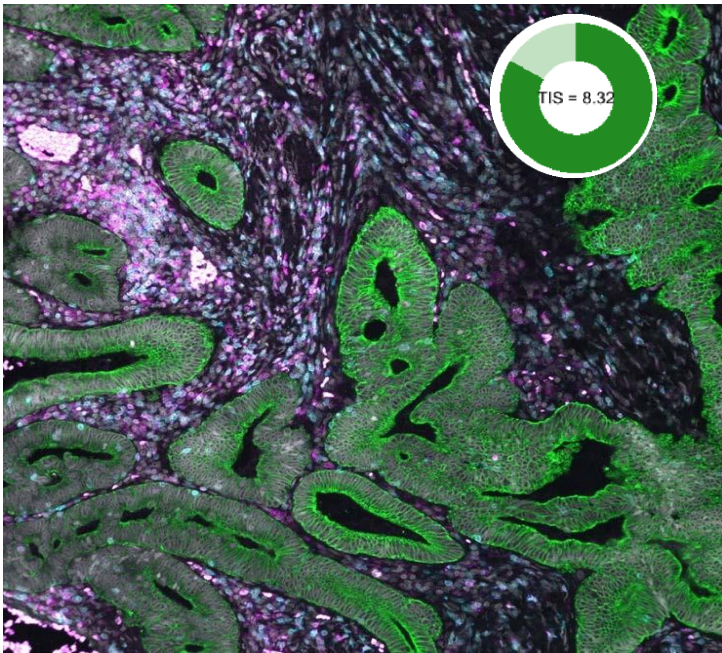


ROI (関心領域)は、非小細胞肺癌 (NSCLC) の FFPE 組織で、混合腫瘍と腫瘍微小環境 (免疫) セグメントで選択されました。それは PanCK / CD45 形態染色に基づいてセグメンテーションされました。タンパク質発現はコンパートメントによって強力なクラスタリングを示しています。

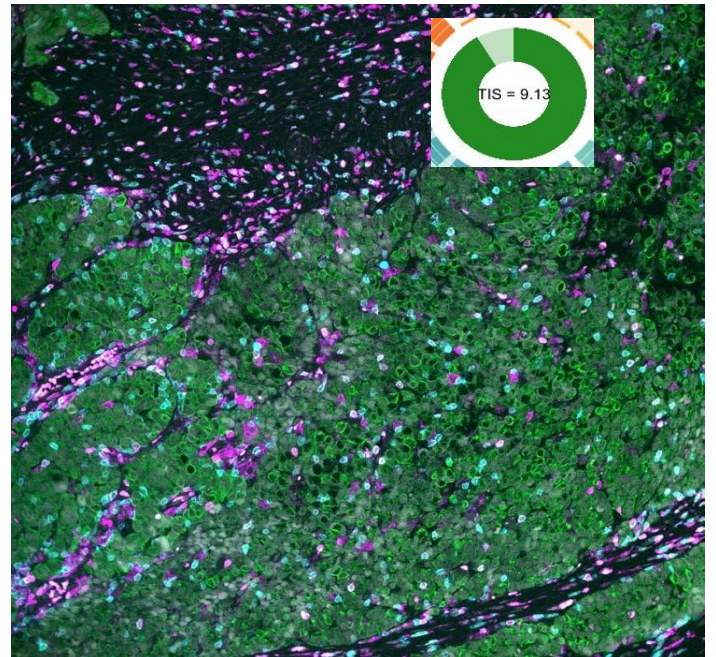
応答の仕組みは空間的な関係で、バルク、1細胞解析では解決できない

Pan-CK CD45 CD3 SYTO13

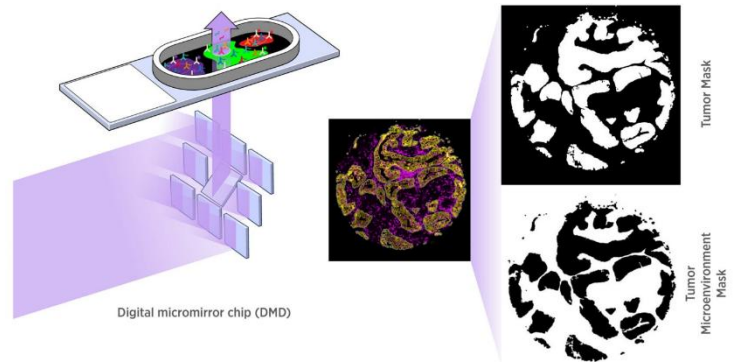
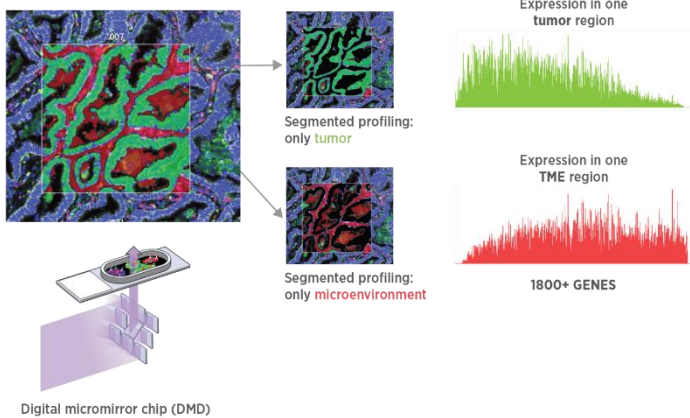
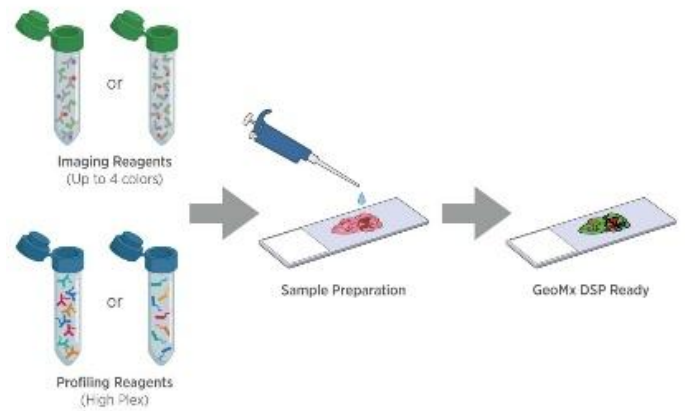
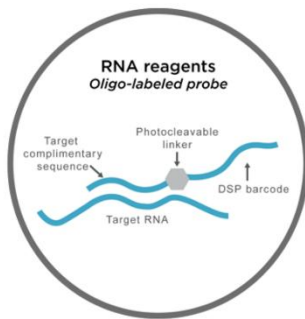
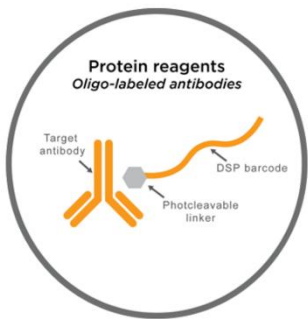
低浸潤だが、ホットな腫瘍領域



高浸潤な、ホットな腫瘍領域



GeoMx DSP ワークフロー



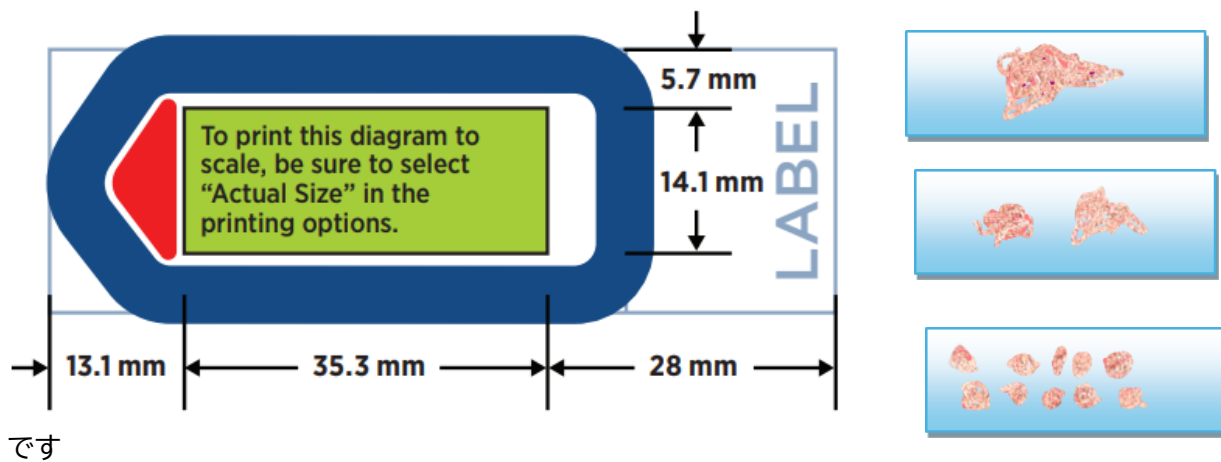
■サービス基本仕様(流れ)

■受け入れサンプル

- ホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)組織スライド
- 凍結切片 (※スライド作製受託も別途ご相談承ります)
- 5 μ mの厚みの組織切片(念のため複数枚連続切片をご用意ください。)

下記スライド指定範囲内に検体をのせます。(複数検体可)

下記の様に、規定範囲内であれば1スライド上に載せる切片の数は自由



です

Step.1

○研究目的等打ち合わせの上、使用パネル(human/mouse Whole Transcriptome Atlas 等)の選択



Step.2

○蛍光染色顕微画像上(モニター上)でROIを指定・選択(遠隔で操作)

○ROI...「関心領域(Region of Interest、ROI)」

- ROIの最大サイズ：～750 μ m \times 650 μ m(20倍の対物レンズのFOV)
- ROI推奨サイズ：200 μ m以上
- ROIの最小サイズ：100 \times 100 μ m(感度がバックグラウンドを超えるのに十分なセル)

(GeoMx Human /Mouse Whole Transcriptome Atlas はROI 辺り200個以上の細胞を取ることを推奨します。)

○Omorphology markerで蛍光染色、ROI選択

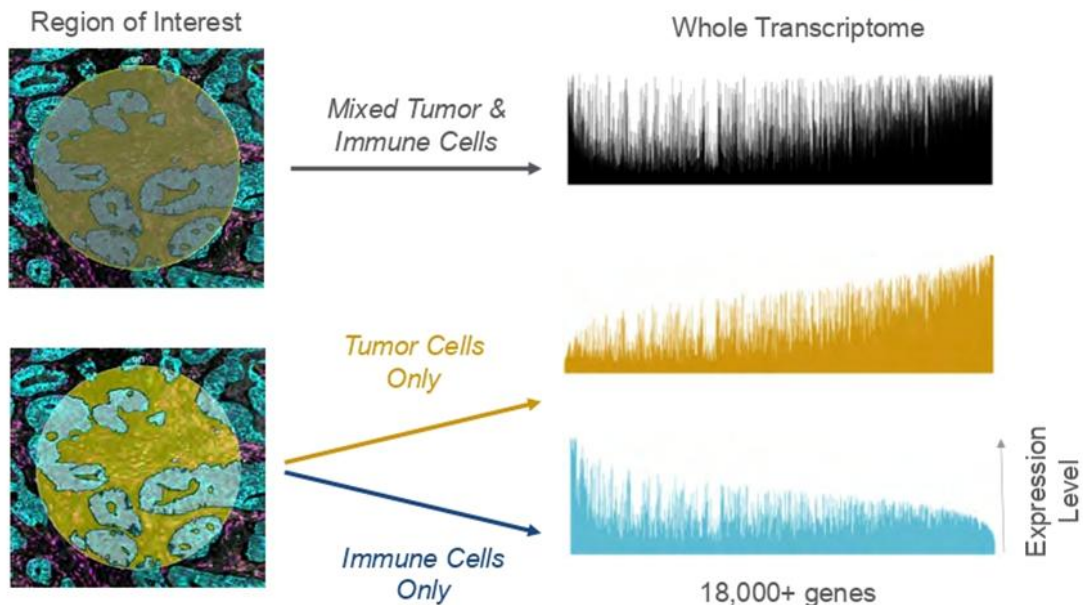
○GeoMx 解析 スライド調製、染色画像取り込み、ROIからのインデックスオリゴ回収、リードアウトを実施

※ 文献例はこちらからご確認ください

<https://nanosttring.com/resources/publications/?paged=1&publication-type=geomx-dsp>

アッセイ用プローブと最大4種類の蛍光標識物質でスライド全体を染色し、装置で撮影します。蛍光染色を参考としてプロファイリングする組織の領域を決定します。マスキングを利用すれば、各領域で2種類以上の組織コンパートメントまたは細胞のプロファイリングを行うこともできます。

ROI内でコンパートメント別に測定されるWhole Transcriptome Profile



FOR RESEARCH USE ONLY. Not for use in diagnostic procedures.
© 2018 NanoString Technologies, Inc. All rights reserved.

nanoString

・ ディスカバリー/トランスレーショナルリサーチ ・ トランスクリプトーム解析の検討 ・ バイオマーカーの探索に ・ 腫瘍免疫、神経科学分野など

1. 「キャプチャ」ではなく「直接プローブ」の強み

多くの空間トランスクリプトームはスライド上のポリT配列などでRNAを「捕まえて(キャプチャ)」から逆転写します。この場合、キャプチャ効率や逆転写効率に依存するため、低発現遺伝子がこぼれ落ちやすくなります。

GeoMxの仕組み: 標的RNAに対して1遺伝子あたり複数(通常10~15ペア)のISHプローブを設計し、それぞれにインデックス付きのオリゴタグが結合しています。

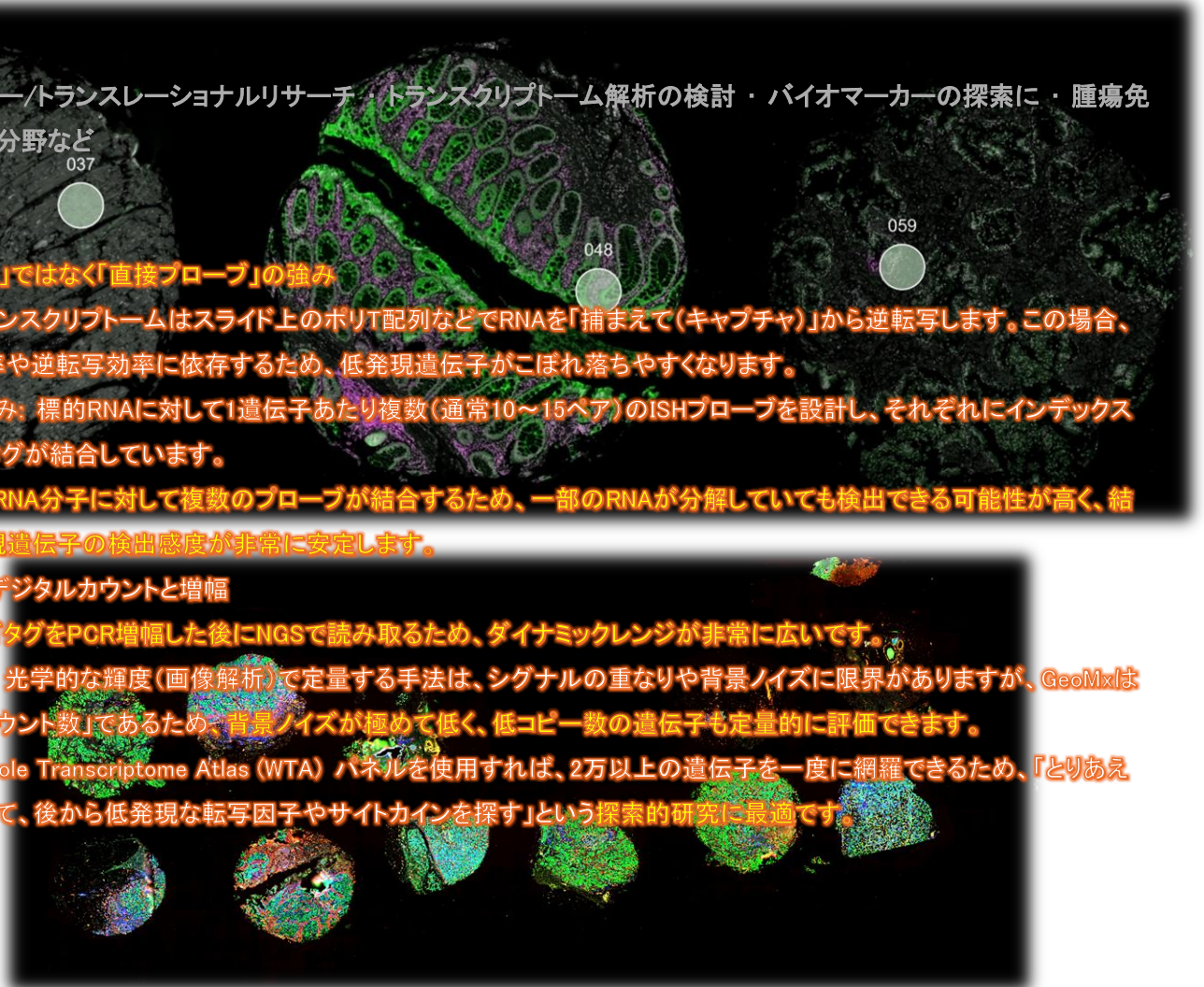
メリット: 1つのRNA分子に対して複数のプローブが結合するため、一部のRNAが分解していても検出できる可能性が高く、結果として低発現遺伝子の検出感度が非常に安定します。

2. NGSによるデジタルカウントと増幅

回収したオリゴタグをPCR増幅した後にNGSで読み取るため、ダイナミックレンジが非常に広いです。

デジタル定量: 光学的な輝度(画像解析)で定量する手法は、シグナルの重なりや背景ノイズに限界がありますが、GeoMxはNGSによる「カウント数」であるため、背景ノイズが極めて低く、低コピー数の遺伝子も定量的に評価できます。

カバレッジ: Whole Transcriptome Atlas (WTA) パネルを使用すれば、2万以上の遺伝子を一度に網羅できるため、「とりあえず網羅的に見て、後から低発現な転写因子やサイトカインを探す」という探索的研究に最適です。

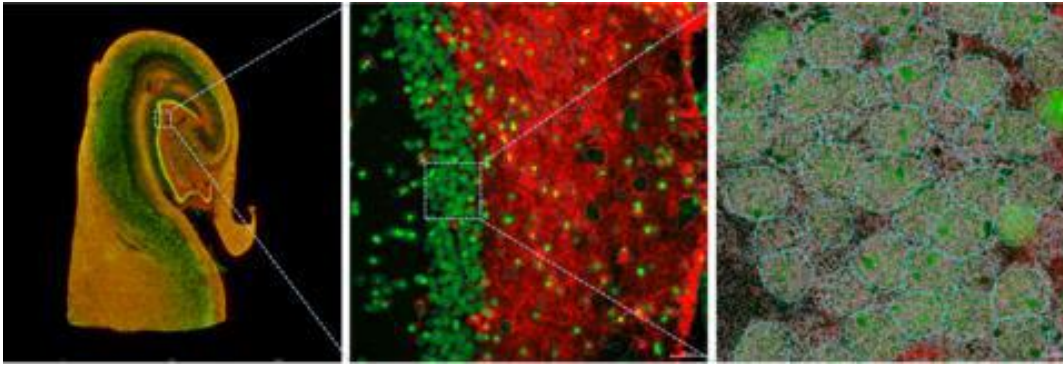


関連製品

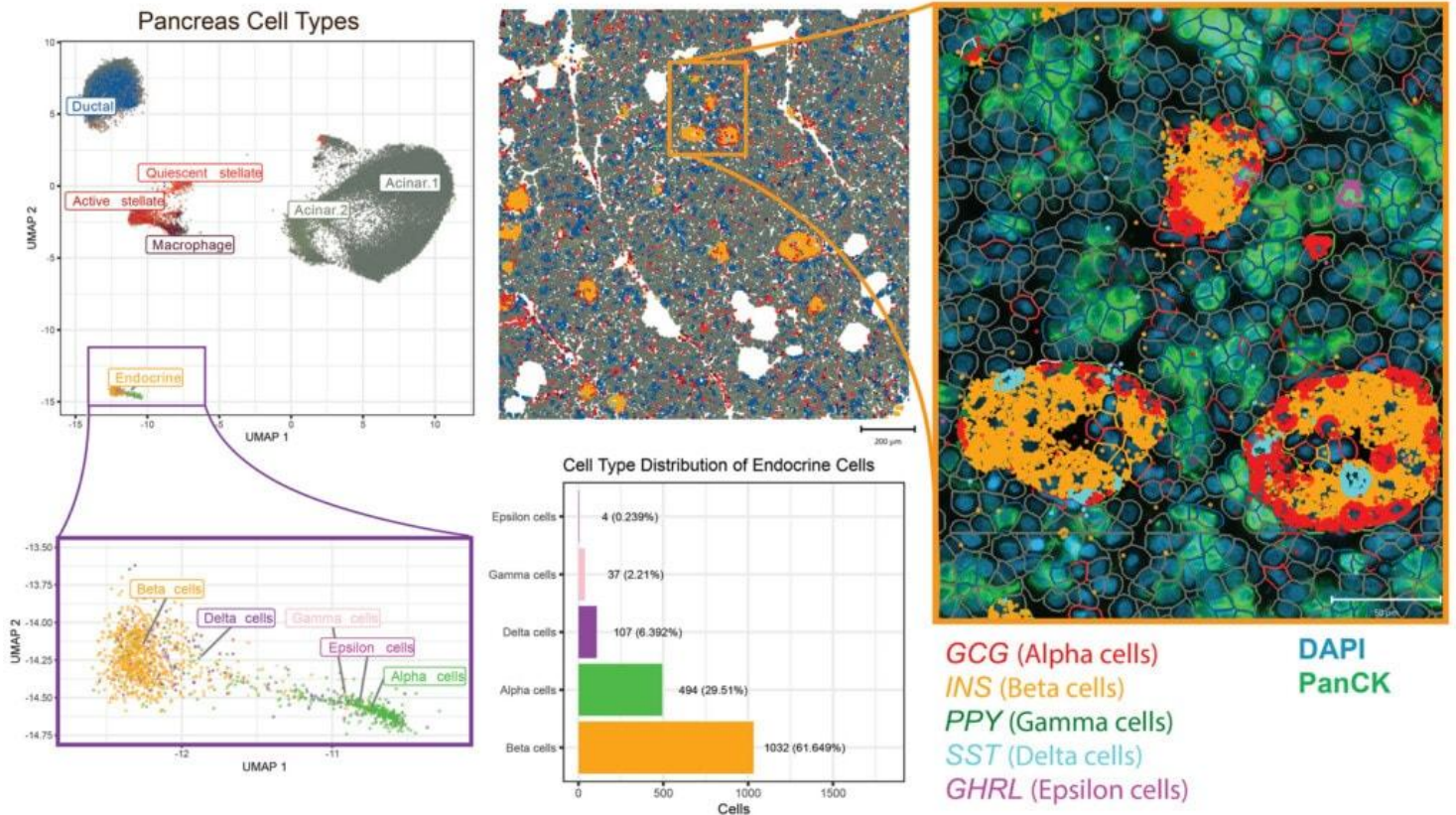
シングルセル空間オミクス解析

●【CosMx シングルセル空間オミクス解析の特徴】Visualix 社

●シングルセルおよびサブセラーの解像度で空間マルチオミクスを提供するハイプレックス in situ プラットフォームです。CosMx SMI は、18,000または 6,000 の RNA および 68 の検証済みタンパク質分析の迅速な定量化と可視化を可能にします。組織上の位置情報を保持したまま個々の細胞の表現型、細胞間相互作用解析が可能です。



ヒト膵臓データセット



解析元

<https://www.i-lac.co.jp/>



東和科学株式会社

where science is leading you

TEL: 東京営業部 03-5981-6031

つくば営業部 029-864-2541

お問い合わせ：製品担当 市川 ichikawa@towa-sci.co.jp

<https://www.towa-sci.co.jp/>