

## 受託解析サービス

GeoMxデジタル空間プロファイリングにより、タンパク質およびRNAのhigh-parameter空間プロファイリングが可能になります

4-1BB, CD11c, CD14, CD163, CD19, CD27, CD3, CD56, CD66b, CD68, CD8A, CD20, CD3, CD4, CD45, CD45RO, GZMB, HLA-DR, Histone H3, ICOS, IDO1, Ki-67, LAG3, OX40L, PD1, PD-L1, PTEN, STAT3, STAT3-P, VISTA, B7-H3 (CD276), B7-H4, Bcl-2, Beta-2-microglobulin, Beta-Catenin, CD44, Pan-Cytokeratin, GZMB, Ki67, S100B, S6, STING



nanoString

株式会社 iLAC / 東和科学株式会社では NanoString 社 GeoMx<sup>®</sup> を用いた空間プロファイル受託解析サービスを開始致しました。GeoMx<sup>®</sup> は、1枚のスライドから空間トランスクリプトミクスと空間プロテオミクスの形態学的な情報を提供します。マルチオミクス解析は、腫瘍や疾患臓器の不均一な領域、隣接する微小環境、関連する炎症免疫細胞などの組織病理学的サンプル内の遺伝子、または蛋白質発現を可視化する強力なツールです。GeoMx<sup>®</sup> の高い解像度は、これらの解明に対し最良の結果をもたらすことが期待できます。

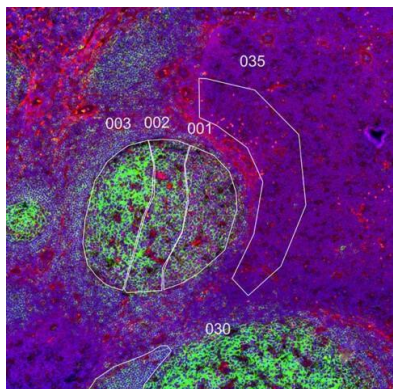
### 【GeoMx<sup>®</sup> DSP Digital Spatial Profiling）の特徴】

- RNA 20,000 以上のターゲットを検出 10種類以上のタンパク質を可視化
- マイクロダイセクション法では回収が困難だった微小領域を解析することが可能
- 最大 4 色で蛍光染色した形態学的標識画像をもとに、PCモニター上で自由に選択した関心領域（ROI）を、目的に応じた複数のプロファイリング方法で解析
- FFPE サンプルに対応（FFPE スライドをご提出いただき本解析を実施致します）

### 柔軟なプロファイリングで組織の不均一性を把握

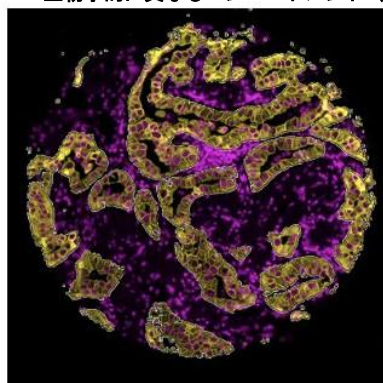
#### 幾何学的プロファイリング

この検体組織の異なる領域における発現の違いは？

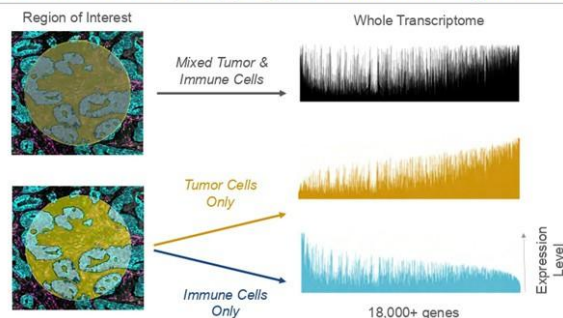


#### セグメント

生物学的に異なるコンパートメント（例：腫瘍とその微小環境など）における発現プロファイルの違いは？

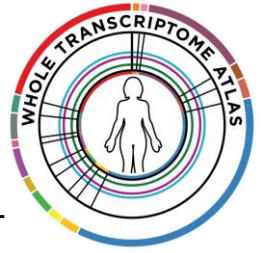


ROI内でコンパートメント別に測定されるWhole Transcriptome Profile



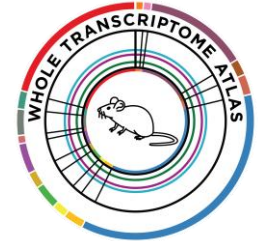
## GeoMx® Human Whole Transcriptome Atlas

GeoMx® Human Whole Transcriptome Atlas は、独自のプローブ構造により各トランスクリプトにおける最大限の感度と信頼性を提供します。WTAは、ヒトゲノム命名法委員会 (HUGO) のデータベースと米国国立生物工学情報センター (NCBI) の RefSeq データベース 2 の利用可能な mRNA 配列との相互参照に基づいて、18,000 以上のヒトタンパク質コード遺伝子をプロファイルします (図)。ターゲット分子に対する高い特異性に加えて、Digital Spatial Profiler (DSP) の RNA プローブは、融解温度、GC 含有量、オフターゲットヒットおよび反復配列などの無数の要因がスクリーニングされています。各プローブは、イルミナシーケンサー上での下流の分子カウント用に独自の DSP パーコードが割り当てられています。WTA の標的的性能により、FFPE など著しく分解された組織であっても、感度の高さを実現することで PolyA 配列から逆転写する手法により生じる発現値のバイアスの問題を回避します。GeoMx® WTA を用いることで、研究者はユーザーが設定する関心領域のトランスクリプトーム全体にわたるパスウェイを探索できます。



## GeoMx® Mouse Whole Transcriptome Atlas

発生生物学や疾患の発症、進行および治療を理解する上で、マウスモデルは非常に重要な役割を果たしています。しかし、バルク RNA-seq 解析またはシングルセル RNA-seq 解析のデータを使用するマウスのトランスクリプトーム研究の多くでは、組織の不均一性が結果の解釈を困難にします。GeoMx® Mouse Whole Transcriptome アッセイは、空間トランスクリプトームを利用して遺伝子改変マウスモデルの組織構造と機能を明らかにできます。



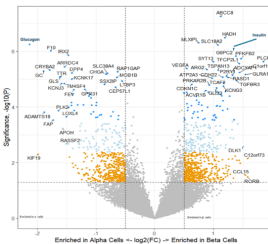
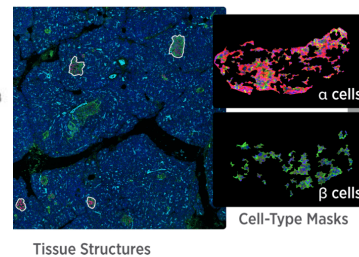
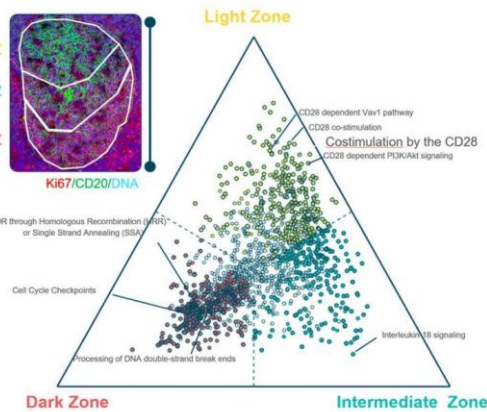
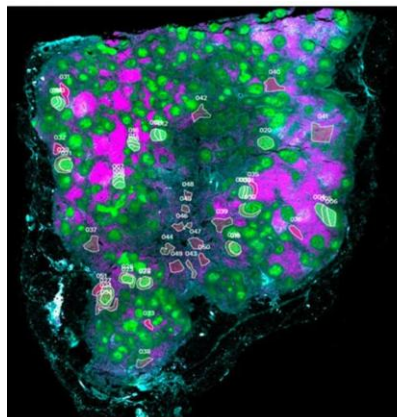
## GeoMx® IO Proteome Atlas (IPA)

1枚のスライド上で 570 種類以上のタンパク質を可視化

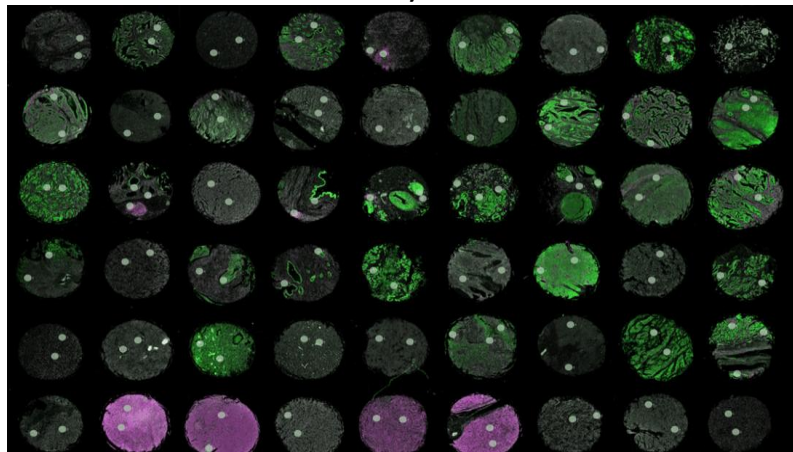
GeoMx IO Proteome Atlas (IPA) は超ハイプレックスプロテオミクスデータを提供することにより包括的な IO 研究に貢献いたします。パネルに含まれる抗体はすべて、アブカム社が IHC およびその他さまざまな原理の異なるシングルプレックス手法により検証するとともに、ナノストリングがマルチプレックス検証を行っています。マルチプレックス検証は、FDA 既承認の TMA を使い、29 種類の組織タイプを含む 77 の正常ヒトコアと 26 種類の組織タイプを含む 54 の腫瘍ヒトコアについて実施しました。さらに、パネルに含まれる抗体すべてについて、90 以上のヒト細胞株に対する特異性および感度に関するマルチプレックス検証を実施しました。



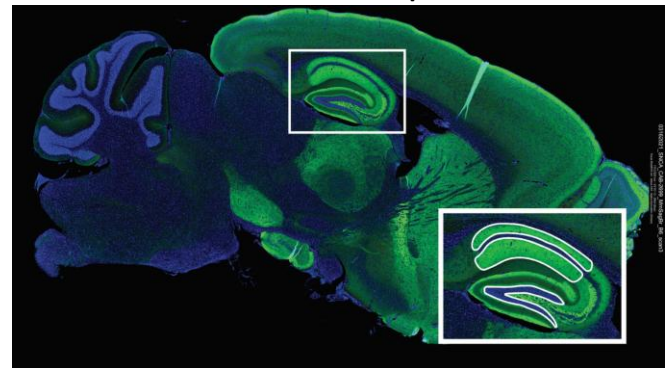
## GeoMx® Human Whole Transcriptome Atlas



## GeoMx® IO Proteome Atlas (IPA)



## GeoMx® Mouse Whole Transcriptome Atlas



【本サービステクニカルお問い合わせ】  
株式会社 iLAC 担当: 入江  
shinji.irie@i-lac.co.jp

【本サービス見積・発注等のお問い合わせ】  
東和科学株式会社: 特販事業グループ 担当: 市川  
ichikawa@towa-sci.co.jp

### ■Human/Mouse Whole Transcriptome Atlas RNA Assay

(H>18,000, M>21,000 genes)AOI(解析領域) 22AOI(価格: 1,750,000 円(税別) ~)

※1 スライドあたりの価格

### ■GeoMx IO Proteome Atlas (IPA) Assay (価格: 1,950,000 円(税別) ~)