

Spatial Transcriptomics powered by

# Stereo-seq

SpaTial Enhanced REsolution Omics-sequencing

## Unprecedented Nanoscale Subcellular Resolution with Large Field of View

STEREO-Seq解析は、遺伝子発現データをナノスケールの細胞内位置情報と統合することで、組織内での細胞そして細胞内部での状態を今までにない精度で測定することができる技術です。腫瘍部位ごとの細胞内微小環境における空間トランスクリプトーム解析や、3Dトランスクリプトミクス・モデルの構築、発生生物学における時空間的トランスクリプトームアトラス構築などの研究に有用です。MiRXES Genomicsは、組織切片処理からバイオインフォマティクス・データ解析までのSTEREO-Seqワークフロー全体のEnd to Endサービスを提供いたします。



Nanoscale Resolution to Uncover Subcellular Insights

- 220nm spot size
- 400 spots per 100µm<sup>2</sup> cell



Whole Transcriptome Capture for Unbiased Discoveries

- Spatially resolved whole transcriptome sequencing 1.5 billion reads per chip



Large Field of View for Panoramic Architecture

- 1cm x 1cm chip



Expert Bioinformatics Support

- Pre-project planning
- Customizable tertiary analysis service

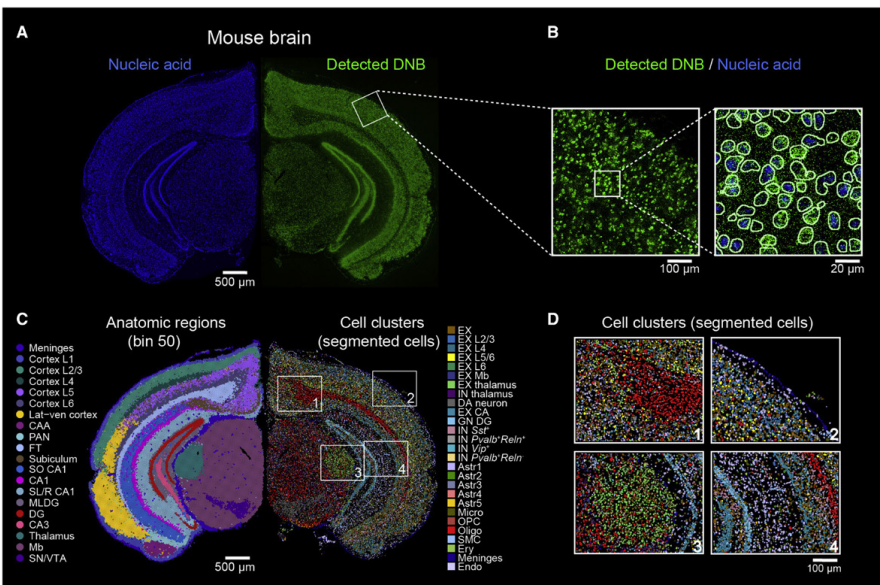


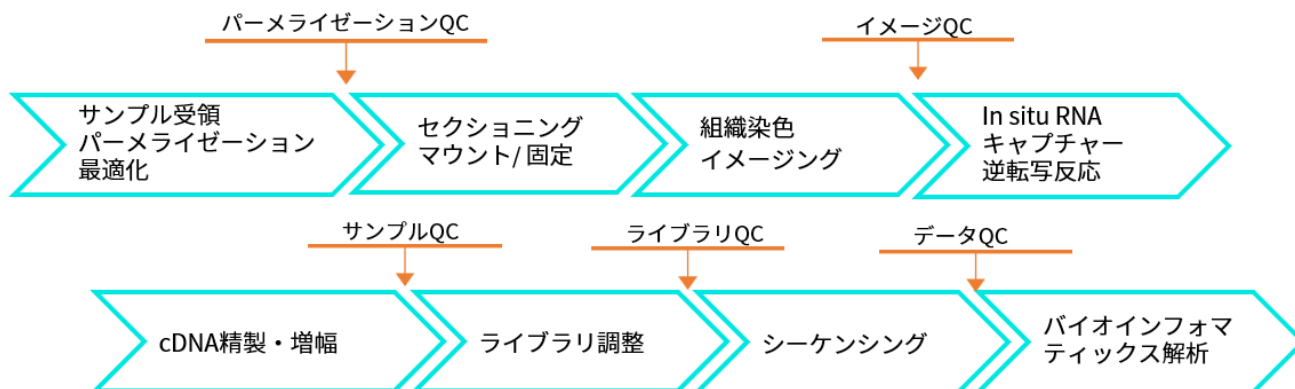
Figure: Stereo-seq dissects the adult mouse brain with cellular resolution Chen et al., 2022, Cell 185, 1777-1792

サンプルタイプ	チップサイズ	予想されるデータ量	プラットフォーム	標準納期
OCT埋没凍結組織 (>10 uM)	1cm x 1cm	約10億リード / チップ	DNBSEQ-G400 または DNBSEQ-T7	4-6週 *サンプルQCからデータ返却まで

\*\*サンプル作成方法などの詳細はお問い合わせください

## STEREO-Seq ワークフロー

ワークフローの各ステップでQCを実施



## バイオインフォマティクス解析

豊富なバイオインフォマティクス・メニュー

スタンダードサービスに標準添付

FastQ file / Stained tissue image / Barcode Mask File / QC statistics (total reads; sequencing statistics)

**Secondary**  
バイオインフォマティクス解析パッケージ (追加パッケージ例)

Sequence Alignment Map File / Gene Count Matrix / Barcode Mapping information / QC statistics (Barcode mapping statistics; Alignment statistics)

**Tertiary**

バイオインフォマティクス・アドオン

Spatial Gene Expression / Cluster Analysis / Spatial Copy Number / Variation / Trajectory Inference / Ligand-receptor Analysis など

詳細はご相談ください

## 参考文献

【アカゲザル】

Spatially resolved gene regulatory and disease-related vulnerability map of the adult Macaque cortex  
Nat Commun. 2022; 13: 6747 Published online 2022 Nov 8. doi: 10.1038/s41467-022-34413-3

【マウス】

Spatiotemporal transcriptomic atlas of mouse organogenesis using DNA nanoball-patterned arrays  
Cell 2022 May 12;185(10):1777-1792.e21. doi: 10.1016/j.cell.2022.04.003.

【シロイヌナズナ】

The single-cell stereo-seq reveals region-specific cell subtypes and transcriptome profiling in Arabidopsis leaves  
Dev Cell 2022 May 23;57(10):1299-1310.e4. doi: 10.1016/j.devcel.2022.04.011.

【ショウジョウバエ】

High-resolution 3D spatiotemporal transcriptomic maps of developing Drosophila embryos and larvae  
Dev Cell 2022 May 23;57(10):1271-1283.e4. doi: 10.1016/j.devcel.2022.04.006.

【ゼブラフィッシュ】

Spatiotemporal mapping of gene expression landscapes and developmental trajectories during zebrafish embryogenesis  
Dev Cell 2022 May 23;57(10):1284-1298.e5. doi: 10.1016/j.devcel.2022.04.009.

【ヒト腫瘍組織】

Spatially-resolved transcriptomics analyses of invasive fronts in solid tumors  
BioRxiv Posted October 22, 2021. doi: https://doi.org/10.1101/2021.10.21.465135

まずはご相談ください

**mirxes**  
TO KNOW. TO ACT.  
MIRXES製品とサービスおよび技術提携や共同研究など、お気軽にお問い合わせください。  
Email: info.jp@mirxes.com  
Website: mirxes.com  
mirxesjapan.com



販売代理店