

Curio Seekerを用いた 空間トランスクリプトーム解析 (全トランスクリプトーム空間解析)



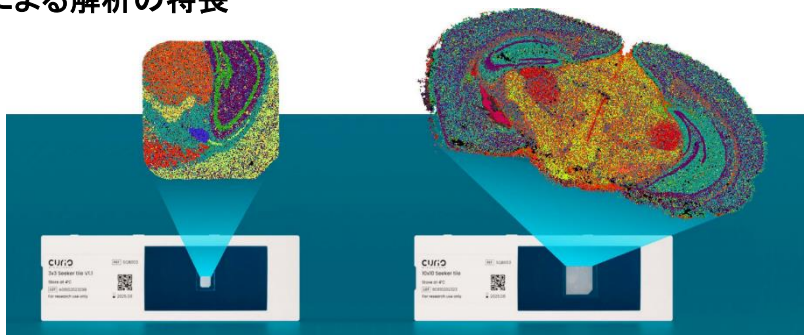
※Curio Seeker : Curio Seeker Spatial Transcriptomics Kit

- ✓ 組織の位置情報を保持した全トランスクリプトーム遺伝子発現解析
- ✓ シングルセルスケールの解像度(10 μm)で解析可能
- ✓ ヒト・マウスに限らない様々な真核生物に対応
- ✓ 凍結組織を送付いただくだけで情報解析までの全工程をサポート

詳細はこちら▼



■ Curio Seekerによる解析の特長



専用スライドに新鮮凍結組織を貼りつけ、特殊な装置を必要とせずシーケンスライブラリーを作製します。作製したライブラリーを次世代シーケンサーでシーケンスし、専用パイプラインで情報解析することで、シングルセルスケールの全トランスクリプトーム空間解析を行います。

1. 全トランスクリプトーム解析

polyAを持つ全トランスクリプトームが解析対象なので、遺伝子の取りこぼしがありません。

2. 様々な真核生物に対応

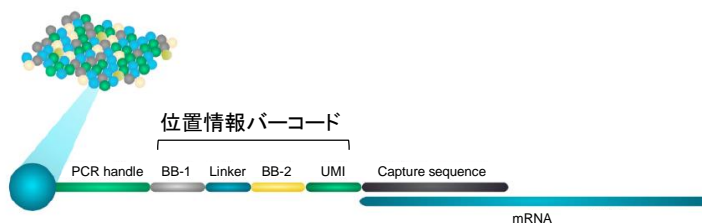
ヒト・マウスに限らず様々な生物種に対応可能です。
※生物種については事前にご相談ください。

3. シングルセルスケールの解析

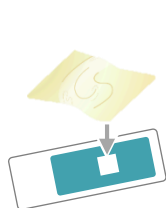
直径10 μmの位置情報付きビーズで捕捉するので、シングルセルスケールの解析が可能です。

■ Curio Seekerの解析フロー

✓ ビーズの構造



✓ 解析フロー



直径10 μmのビーズを敷きつめたタイル上に、新鮮凍結切片を貼り付け



組織からmRNAをビーズに捕捉させ、mRNAに位置情報を付与



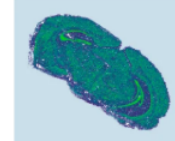
ビーズを回収し、cDNAを合成後、ライブラリーを作製



シーケンスにより、mRNAと位置情報を持つリードを取得

3 mm x 3 mm

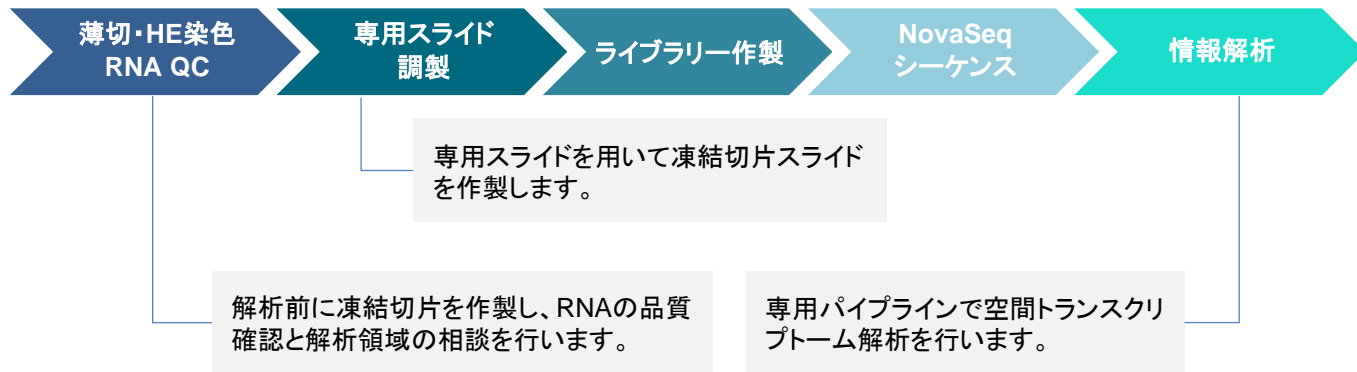
10 mm x 10 mm



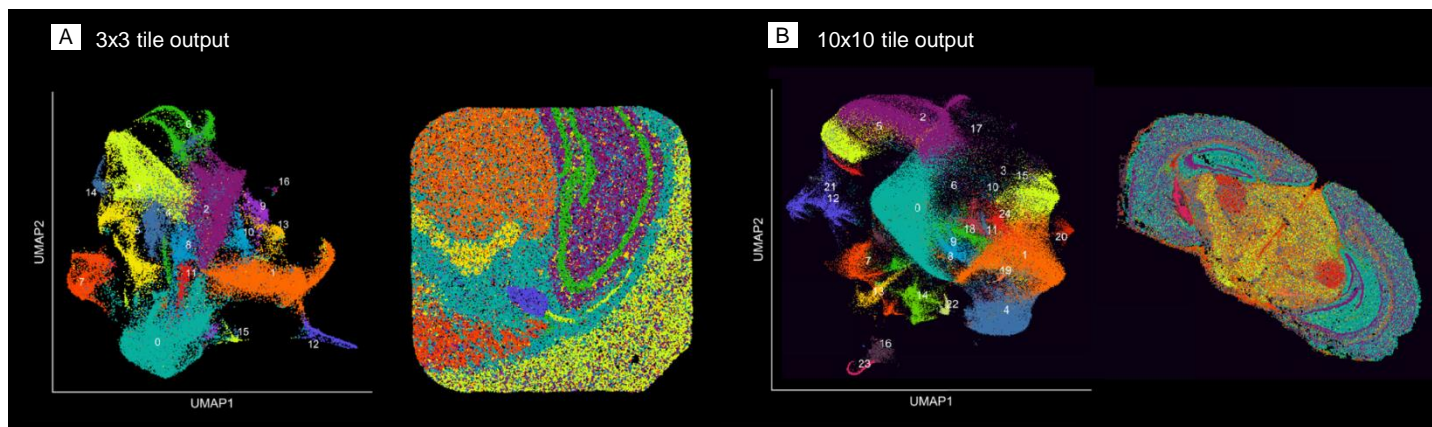
情報解析により、mRNAが組織の何処で発現していたかを解析

空間トランスクリプトーム解析(全トランスクリプトーム空間解析)

■ 受託解析の流れ



■ 解析データ例(マウス海馬とマウス全脳)



Curio Seeker bioinformatics pipeline解析結果には、クラスタリング結果、UMAP(次元削減)結果、空間マップ(上図A: マウス海馬、3 mm x 3 mmタイル、B: マウス全脳、10 mm x 10 mmタイル)等が含まれます。

■ 受託解析の仕様

供与サンプル	<ul style="list-style-type: none"> ・新鮮凍結組織、OCT包埋組織: 10 mm x 10 mmタイルのみ対応 ・Seekerスライドに貼りつけ済み組織切片: 3 mm x 3 mmタイル、10 mm x 10 mmタイルともに対応 ※組織種などはお問い合わせください。 ・Curio Seeker Spatial Transcriptomics Kitを用いて作製したライブラリー
生物種	真核生物 ※対象生物のリファレンス配列が情報解析に使用可能か確認しますので、事前にご相談ください。
シーケンス解析	NovaSeq ・3 mm x 3 mmタイル: 2~6億リード ・10 mm x 10 mmタイル: 10~30億リード ※データ量をご相談の上、変更可能です。お問い合わせください。
価格	お問い合わせください。
納期	2~2.5か月
納品物	Curio Seeker bioinformatics pipeline解析結果(解析結果概要、下流解析用ファイル) fastqファイル、作業報告書

・ライセンスなどに関する最新の情報は弊社ウェブサイトをご覧ください。

・本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。 2025年2月作成G

タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ

滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
TEL 077-565-6999

Website <https://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>



取扱店