



# タカラバイオ 注目の受託サービス特集

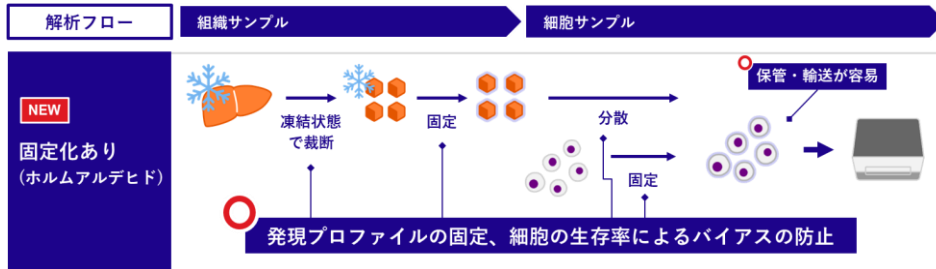
## シングルセル解析

Chromium シングルセル遺伝子発現Flex (10x Genomics社)を用いて、固定化組織または細胞からシングルセルレベルの遺伝子発現データを取得します。

サービスの詳細はこちら→

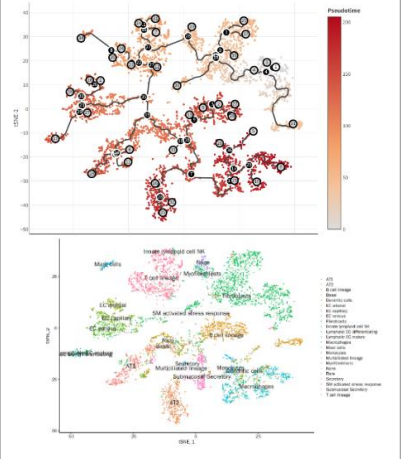


### ◇ 固定化のメリット



より高度な3次解析にも対応!

- Trajectory解析
- 細胞腫予測
- 共発現ネットワーク解析



受入サンプル	必要量	納品物	納期
凍結細胞	1.0 × 10 <sup>6</sup> cells以上	シーケンスデータ(Fastq) Cell Ranger解析結果  (オプション)高次解析	約2か月
凍結組織	25 mg以上		
固定化細胞	2.0 × 10 <sup>5</sup> ~2.0 × 10 <sup>6</sup> cells		
FFPE組織	ヒト: 25 μm × 2枚以上 マウス: 50 μm × 2枚以上		

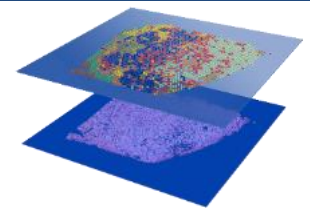
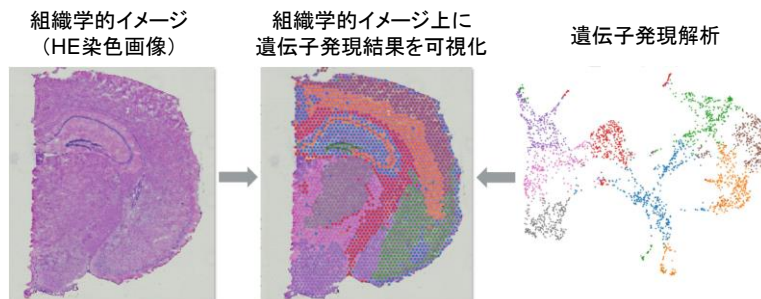
- ・生物種はヒト・マウスのみです。解析の実施例は別途ご相談ください。
- ・推奨のサンプル調製方法は試験内容によって異なりますので、ご相談ください。



サンプル送付方法の詳細はこちら→

## 空間トランスクリプトーム解析

Visium CytAssist (10x Genomics社)を用いて組織中の形態学的位置情報を保持したまま、網羅的な遺伝子発現データを取得します。



サービスの詳細はこちら→



受入サンプル	納品物	納期
FFPEブロック・FFPEスライド ※解析可能な組織サイズは6.5 mm × 6.5 mm または11 mm × 11 mmです。 ※スライド送付の場合、指定のスライドが必要です。詳細はお問い合わせください。	シーケンスデータ(Fastq) Space Ranger解析結果	約2.5~3か月

- ・生物種はヒト・マウスのみです。解析実施例は別途ご相談ください。

次ページの解析例もご確認ください →

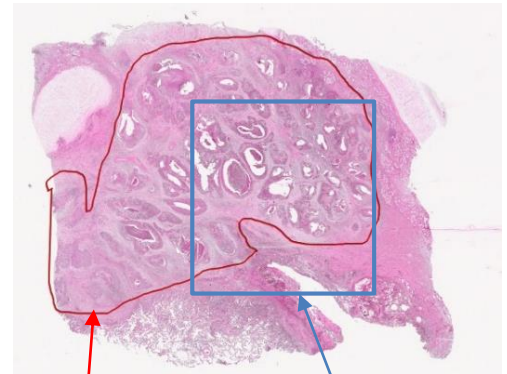
同一個体の肺がんFFPE組織と非腫瘍FFPE組織を用いて、バルクRNA-Seq解析、シングルセル解析、空間トランスクリプトーム解析を行い、解析手法の比較を行った。

● 使用サンプル

Sample	Format	腫瘍率 (%)	RIN	DV200 (%)
Tumor	FFPE	50	3.0	65.59
Normal	FFPE	0	2.9	75.98

● 解析手法

解析手法	使用キット・アプリケーション
バルクRNA-Seq解析	SMART-Seq Stranded
空間トランスクリプトーム解析	Visium CytAssist
シングルセル解析	Chromium シングルセル遺伝子発現Flex



腫瘍部分 空間トランスクリプトーム解析にて解析した位置

図1. 空間トランスクリプトーム解析での解析範囲

● 結果

① 各解析手法の結果

	バルクRNA-Seq解析		空間トランスクリプトーム解析		シングルセル解析	
	組織全体の検出遺伝異数 (TPM>0.1)	Mapped reads	スポットあたりの検出遺伝子数	Reads Mapped Confidently to Probe Set	細胞当たりの検出遺伝子数	Confidently mapped reads in cells
Tumor	22,716	95.68%	5,735	98.5%	867	85.67%
Normal	22,949	97.97%	6,238	97.9%	1,318	85.65%

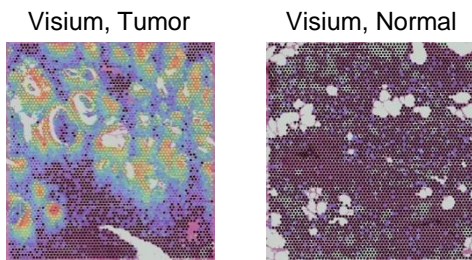


図2. 空間トランスクリプトーム解析 組織学的イメージ上に遺伝子発現結果を可視化した図

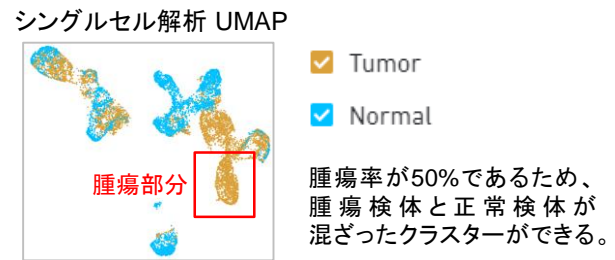
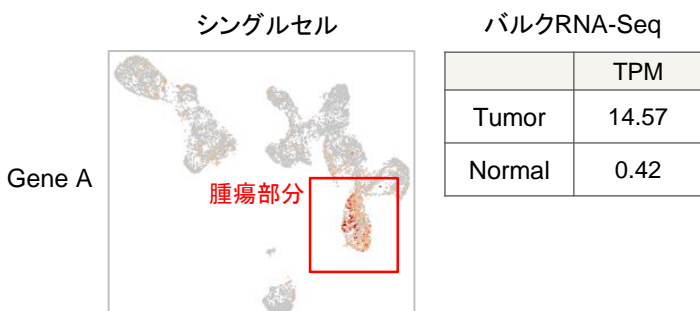


図3. シングルセル解析 肺がん組織と非腫瘍組織の結果を結合した図

★ FFPE組織からバルクRNA-Seq解析、空間トランスクリプトーム解析、シングルセル解析が可能

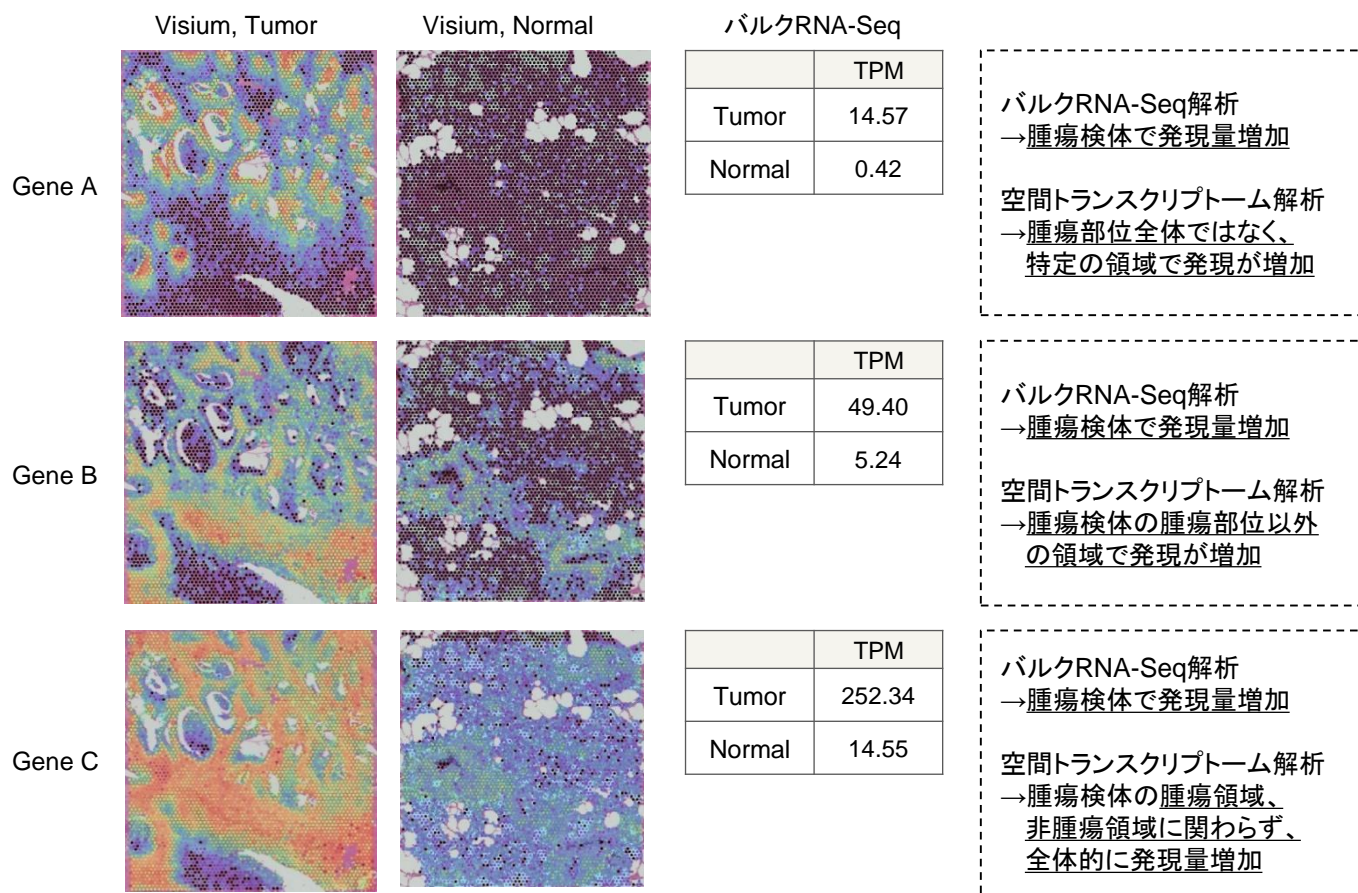
② シングルセル解析



シングルセル解析では、腫瘍部位特異的に発現している遺伝子を調べることができる。

★ マーカー遺伝子の解析結果と合わせることで、特定の細胞群で発現する遺伝子を探索することが可能

## ③ 空間トランスクリプトーム解析



★ バルクRNA-Seq解析では単に遺伝子発現量が増加／減少していることしか分からないが、空間トランスクリプトーム解析ではさらにどの領域で増加／減少しているかを調べることが可能

## ● 各解析手法のまとめ

解析手法	メリット	デメリット
バルクRNA-Seq解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>実験手法や情報解析手法が広く認知されている。</li> <li>解析費用が比較的安価</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>腫瘍／非腫瘍細胞が混在した検体の場合、発現値が平均化されるため差が分かりにくい。</li> <li>統計検定を用いる場合、検体数を十分に準備する必要がある。</li> </ul>
空間トランスクリプトーム解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>組織情報が分かっているため、マーカー以外の情報からクラスタを選別可能</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>検体あたりの解析費用が高い。</li> <li>解析できる領域が狭い。</li> </ul>
シングルセル解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>解像度が高いため、少数細胞の変化も捉えられる可能性がある。</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>マーカー情報が分かっていない場合、得られたクラスタの解釈が難しい。</li> <li>検体あたりの解析費用が高い。(空間トランスクリプトームよりは安価)</li> </ul>

目的に合った解析手法をご選択ください。複数の解析手法を組み合わせることも可能です！

# シングルセル空間解析 (CosMx™ SMI)

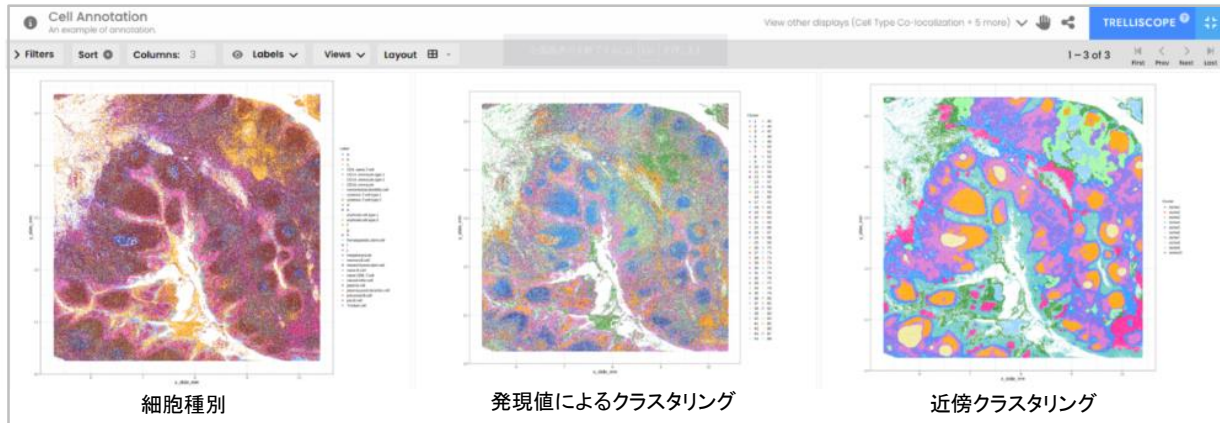
- ✓ 一度の解析で1,000以上のRNAまたは64以上のタンパク質を同時に検出できるハイプレックスな解析
- ✓ 世界最高水準のセルセグメンテーション
- ✓ シングルセル・サブセラーレベルの高解像度空間解析データを取得
- ✓ FFPEブロックを送付いただくだけで情報解析までの全工程をサポート

サービスの  
詳細はこちら→



◇ 納品データの例

細胞アノテーション、クラスタリング結果 (タカラバイオ オリジナルビューワ表示例)



★ 組織上での細胞分類、遺伝子発現値によるクラスタリング結果、近傍クラスタリング結果を並べて確認可能

受入サンプル	納品物	納期
FFPEブロック・FFPEスライド ※受託解析では凍結切片は対応しておりません。	作業報告書、ビューワ	解析領域選択後 約5週間

・生物種はヒト、マウスのみです。

# 高感度プロテオーム解析 (Olink®)

22検体単位の相乗り  
解析も可能です

オーリンクプロテオミクス社のProximity Extension Assay法 (PEA法) を用いて、血清や血漿、CSF、培養上清等からプロテオーム解析を実施します。

◇ パネル (Exploreシリーズ)

全てを網羅したパネル (Explore 3072) と8つの個別パネル (Explore 384) がございます。  
※ファーマフーズ社アプロサイエンスグループと提携しており、Targetシリーズにも対応しています。



Cardiometabolic I	Inflammation I	Neurology I	Oncology I
Cardiometabolic II	Inflammation II	Neurology II	Oncology II

・生物種はヒトのみです。

受入サンプル	納品物	納期
血清・血漿・CSF・培養上清 液量: 50 µl 以上	発現値 (NPX) データ 統計解析結果 (オリジナルビューワ)* * Olink Exploreのみ	約1.5か月

サービスの  
詳細はこちら→



・本パンフレット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。  
・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。

2024年1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