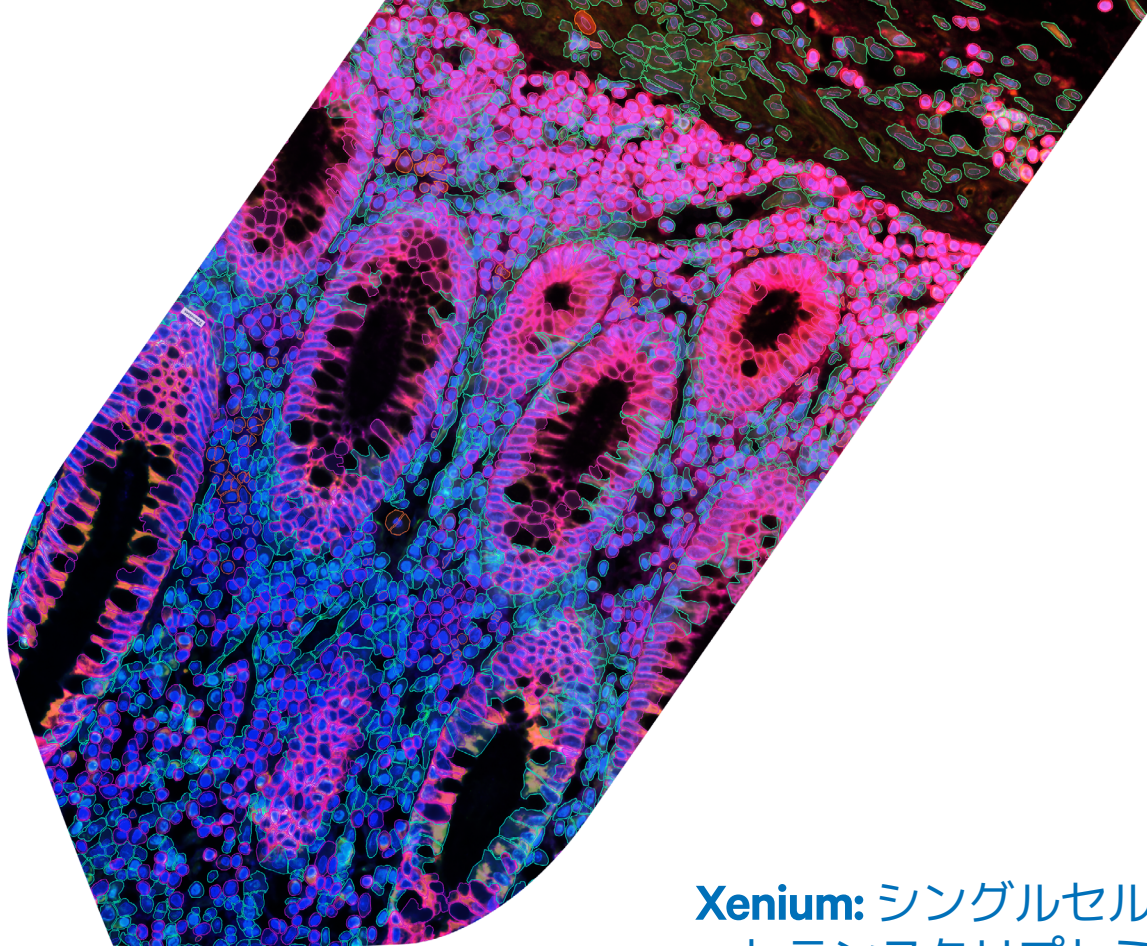
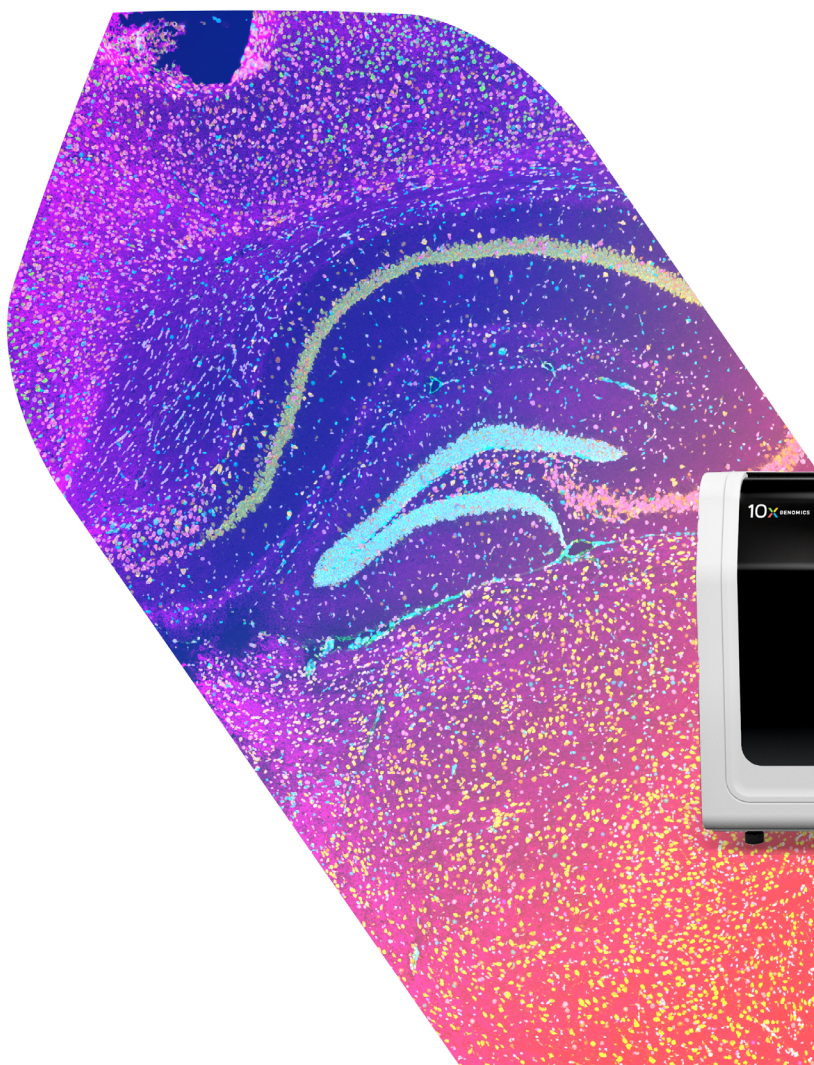




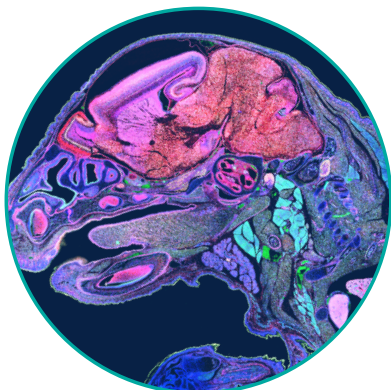
Xenium: シングルセル空間的
トランスクリプトミクス

組織学的特性と シングルセル遺伝子 発現の統合

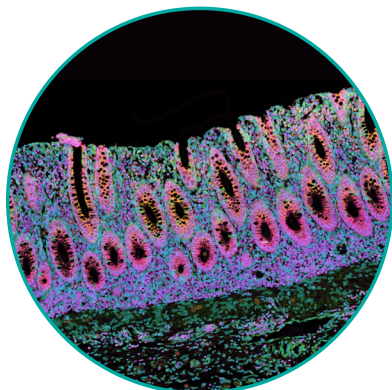


高解像度かつ高度に多重化された空間的解析が不可能を可能に

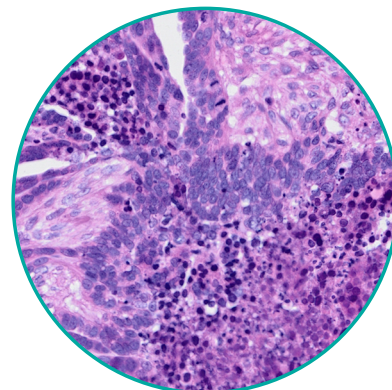
Xeniumは最も先進的なエンドツーエンドのシングルセル空間イメージングプラットフォームです。その基礎には、シングルセル解析および空間テクノロジーにおける10x Genomicsの長年にわたるイノベーションがあります。Xeniumの設計は目的に特化しており、自動アナライザー、キュレーションまたはカスタマイズがなされたパネル、および直感的な視覚化・解析ソフトウェアを使用することで、組織切片から出発してデータを得るまでの流れが進めやすくなっています。



FFPEまたは新鮮凍結切片の組織における位置関係を保ったまま、シングルセルの各細胞に含まれる最大5,000の遺伝子発現を解析して視覚化



複数の形態学的特徴を利用した正確な細胞セグメンテーションにより、転写物 - 細胞の割り当ての高い信頼性



同一の組織切片に由来するシングルセル空間イメージングデータの組織病理学的な知見を統合

シングルセルの空間生物学をサポートする究極のエクスペリエンス

業界トップのスピード
とスループット

高い感度と特異性を
有するパッドロック
プローブ・ケミストリー

研究ニーズに対応した
多彩なパネルメニュー



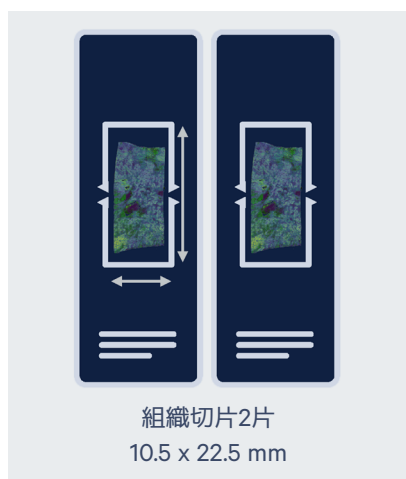
組織の最適化を必要と
しない迅速かつ簡単な
ワークフロー

ラン後の切片は免疫蛍光
染色 (IF)、ヘマトキシリン・
エオジン染色 (HE)、
Visiumに対応

直感的な解析、データの
視覚化、探索

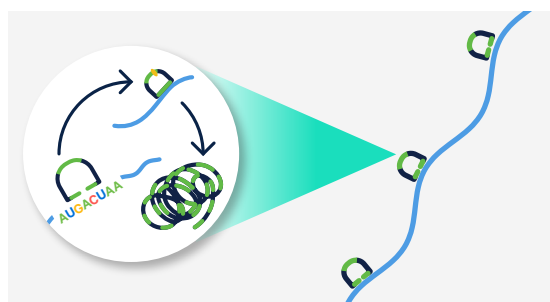
業界トップのスピードとスループット

広い解析可能領域により、最大472 mm²の組織における最大5,000遺伝子のプロファイリングを6日以内に完了できる柔軟性を備えています(遺伝子数が500未満のパネルではさらに解析時間は短縮されます)。



高い感度と特異性を有するパドロック プローブ・ケミストリー

Xeniumプラットフォーム独自のプローブケミストリーでは、デュアルハイブリダイゼーションとライゲーションケミストリーを使用しています。この厳格な4因子認証方式により特異性と感度の高い結合が得られ、単一のプローブを利用したプローブ-遺伝子方式に伴うオフターゲット問題や、プローブタイリング方式に伴う制限事項は生じません。

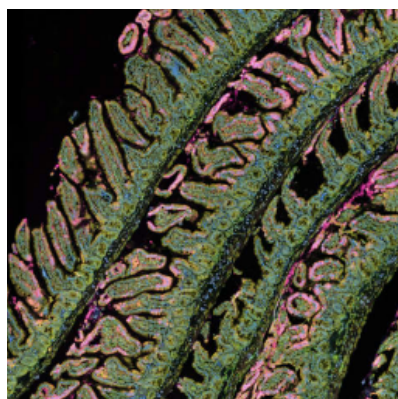


- ✓ scRNA-seqに匹敵する高い感度
- ✓ 高い特異性によって偽検出率を低減
- ✓ 相同性の高い転写物を識別
- ✓ 独自の生物学的情報(アイソフォームなど)を探索
- ✓ 短い遺伝子やFFPE組織中で分解された転写物であっても確実に捕捉
- ✓ 高発現遺伝子の検出用に調整可能

研究ニーズに対応した多彩なパネルメニュー

設計済みパネル

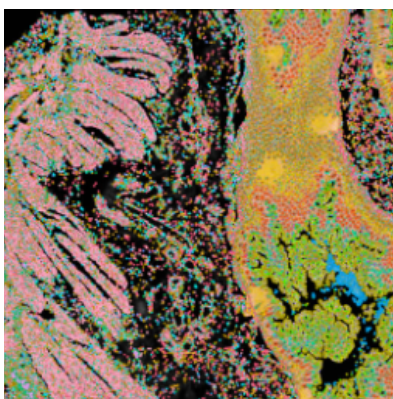
設計済みパネルは直ちに出荷可能であり、10x Genomicsにおいて、健常または疾患のある組織（新鮮凍結およびFFPE）に関して幅広く検証がなされています。



5,000遺伝子パネル

カスタム遺伝子を最大100個追加

ヒトまたはマウスの生物学的経路、受容体-リガンドペア、細胞-細胞相互作用、バイオマーカーなどをマッピング



<500遺伝子パネル

カスタム遺伝子を最大100個追加

ヒト免疫腫瘍学用パネルおよびマルチ組織パネルなど、組織やアプリケーションに特異的なヒトまたはマウスのパネル



全パネルのリストはこちら

完全に独自のカスタムパネルを設計する場合はこちら

タンパク質の同時検出なども開発中です！

カスタムパネル

Custom Panel Designerをご利用いただくことで、設計済みパネルに遺伝子を追加したり、完全なカスタムパネルを設計したりすることが簡単にできます。目的の遺伝子を入力するだけで、パネルを最適化するためのフィードバックと推奨事項を提供します。

Tell us about your panel
The information below will be displayed as a part of your finalized panel summary.

Panel name *
Enter a name
Enter a descriptive name to help you identify this panel.

What organism do you intend to study? *
☐ Human
☐ Mouse
☐ Other

What types of targets do you intend to include in your panel?
☐ Standard genes (e.g. genes in the GRCh38 or mm10 genome)
☐ Custom sequences (e.g. viral sequences, CRISPR-Cas9 guide sequences, etc.)

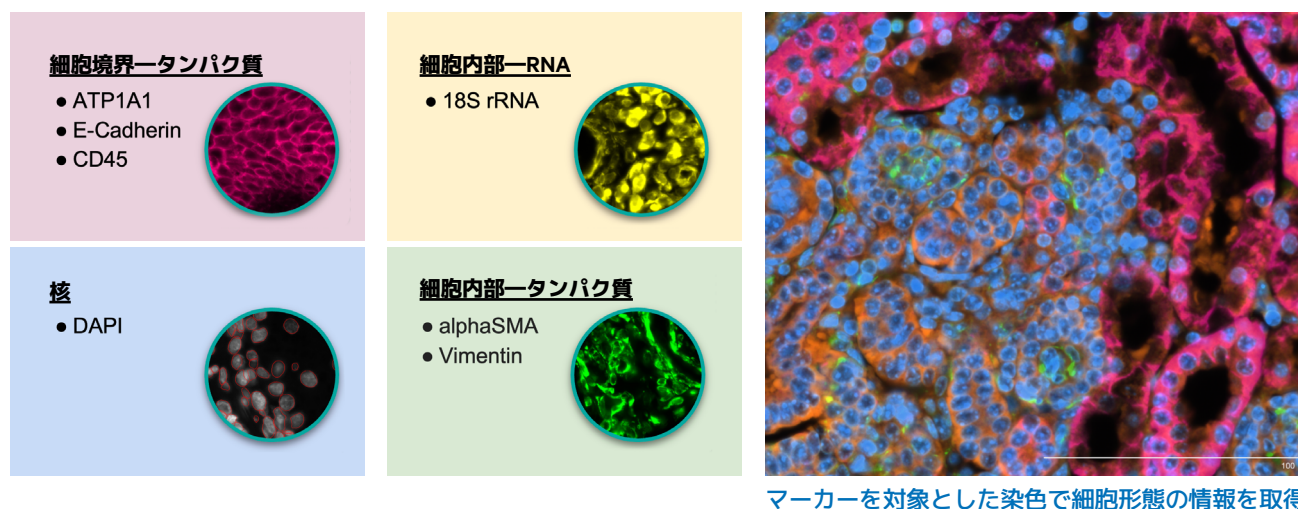
Add Genes
 KONGS-IT1
 AL157385.2
 TEX101
 OR51A4

- ✓ 完全カスタムパネルでは最大480遺伝子を選択可能
- ✓ 特別な用途(アイソフォーム、融合遺伝子、ウイルス/細菌配列、タンパク質タグ、蛍光レポーターなど)のためのプローブも設計可能
- ✓ 標的は、二倍体の真核生物種、異種移植片、注釈付与済みトランスクリプトームを有するほとんどの生物種など
- ✓ 4~6週間以内に設計・納品

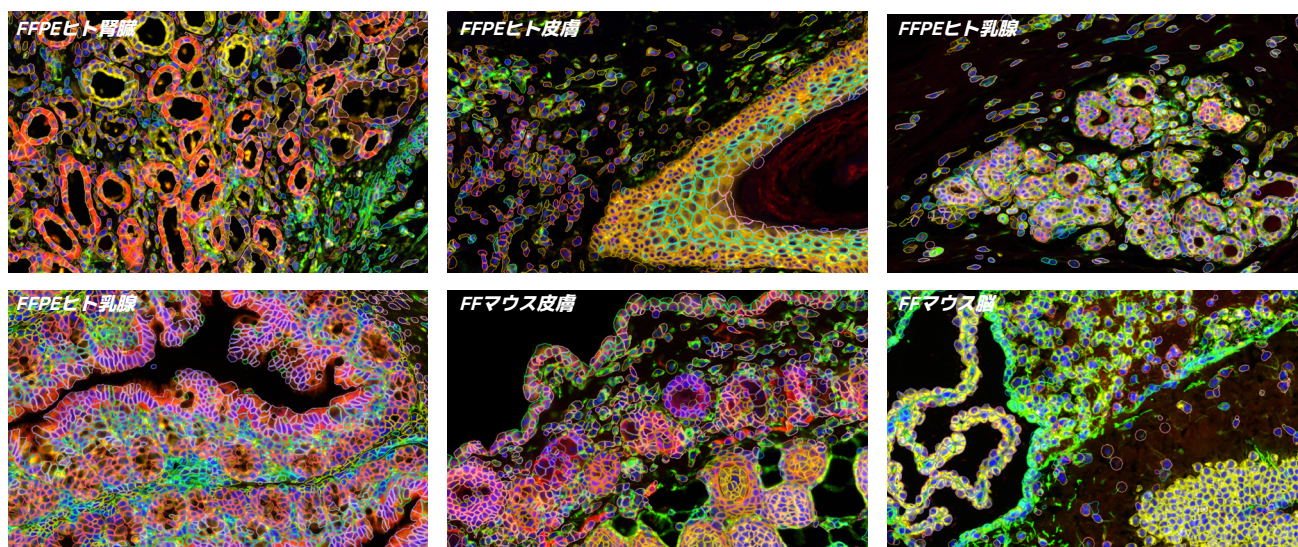
統合的で正確なマルチモーダル細胞セグメンテーション

Xeniumの細胞セグメンテーションは、複数の形態学的染色と高度な目的ベースのアルゴリズムを利用することで、正確な細胞セグメンテーションおよび転写物-細胞割り付けを行います。このアプローチでは、シンプルで統合されたワークフローを備えた単一のキットで、FFサンプルとFFPEサンプルの両方において、さまざまなヒトおよびマウス組織で高精度な細胞セグメンテーションを行うことができます。

最適化された形態学的染色



このアプローチによって、以下のようなさまざまな組織型において正確なマルチモーダル細胞セグメンテーションが達成できることをご覧ください。



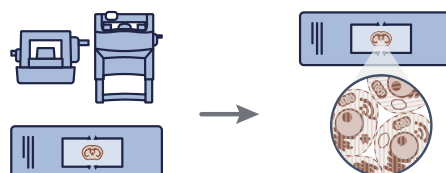
迅速でシンプルなワークフロー

組織ブロックから装置のラン開始までに要する時間はわずか3日間、ハンズオンタイムは7時間未満です。

1 サンプル調製

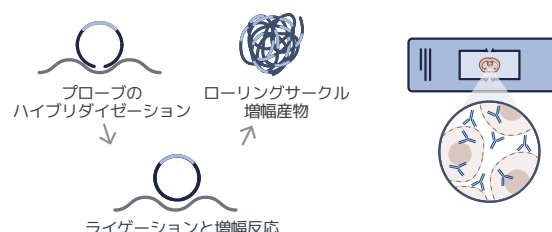
Xeniumのワークフローは、組織切片をXeniumスライドに載せることから始まります。次いで切片を処理し、その状態を保ったまま環状化可能なDNAプローブがRNAにアクセスできるようにします。

新鮮凍結またはFFPE組織切片 固定と透過処理(新鮮凍結の場合)、または脱パラフィンと脱架橋(FFPEの場合)



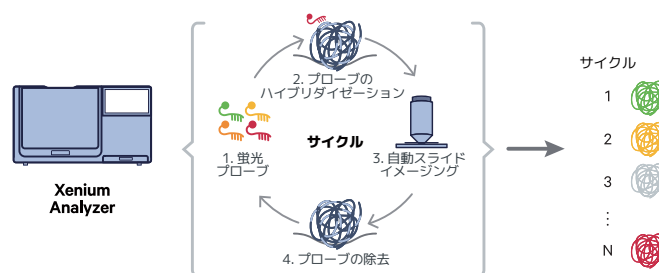
2 プローブのハイブリダイゼーション、ライゲーション、増幅、およびオプションのマルチモーダル染色

DNAプローブは遺伝子特異的バーコード配列を含んでおり、その両端が標的RNAに独立してハイブリダイズするように設計されています。プローブの両端を互いにライゲーションすると環状DNAプローブができあがり、酵素によって増幅されます。マルチモーダル細胞セグメンテーションを使用している場合は、組織はその後で染色されます(組織内部、核、膜の染色)。



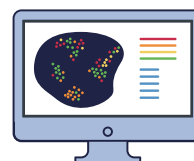
3 蛍光プローブハイブリダイゼーション、イメージング、デコーディング

次にXenium Analyzerにおいて、蛍光プローブのハイブリダイゼーション、イメージング、除去を連続して行います。サンプルに含まれる各RNA転写物に固有のオプティカルシグネチャーが生成され、標的遺伝子のリアルタイムでの特定が可能になります。



4 データの視覚化

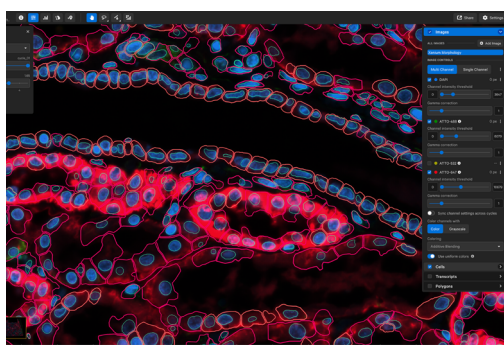
ランの完了後はすぐにデータの探索が可能です。Xenium Explorerでは、形態画像の重ね合わせ、セグメンテーション、細胞タイピング、転写物の密度などの情報を一元化し、あらゆるスケールで視覚化できます。



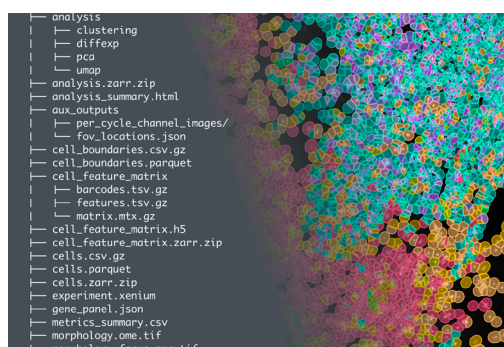
結果にすばやくアクセス



Xeniumのオンボード解析がラン実行中にデータを自動的に処理するため、ランが完了した瞬間に、解釈可能な状態のデータがその場で得られます。



直感的な視覚化ソフトウェア**Xenium Explorer**と組み合わせることで、データ探索をシームレスに実行できます。形態画像の重ね合わせ、セグメンテーション、細胞タイピング、転写物の密度など、組織切片に関する情報を一元化し、あらゆるスケールで視覚化できます。



また、**Xenium Ranger**解析パイプラインがもたらす柔軟性により、研究ニーズに合わせたデータの再解析、そしてXenium Explorerにおける解析のさらなる継続が可能です。

どのような方法でもデータの保存／解析が自由に可能

- ✓ 追加費用をかけることなく、ご自身のデータの完全な所有権を維持し、装置からご希望の保存場所にデータを転送することが可能
- ✓ Xeniumのデータはオープンファイル形式のため、サードパーティーのツールへもシームレスにエクスポート可能であり、フィルタリング、クラスタリング、軌跡(分化パスウェイ)推定解析などに利用可能

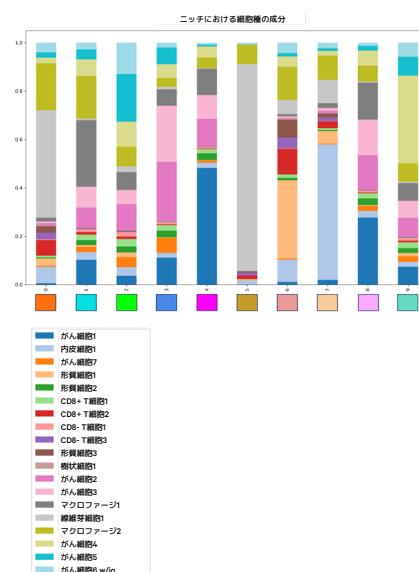
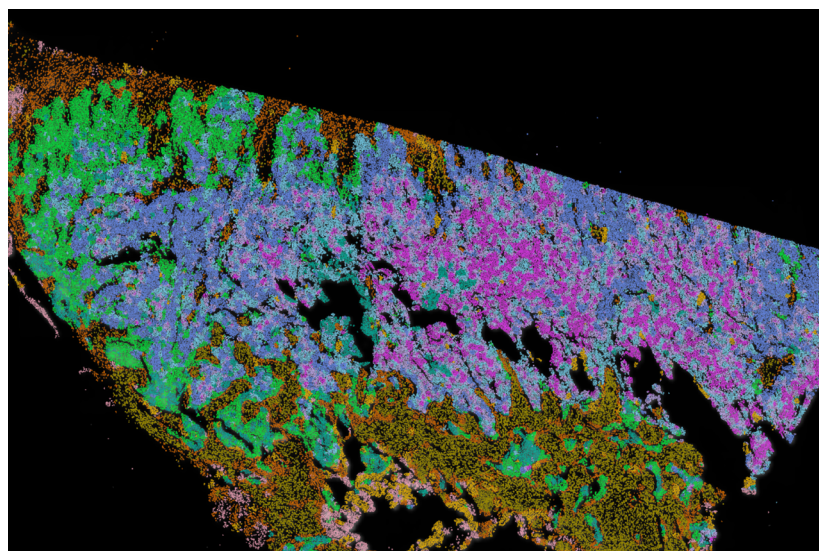


Xeniumデータセットの探索

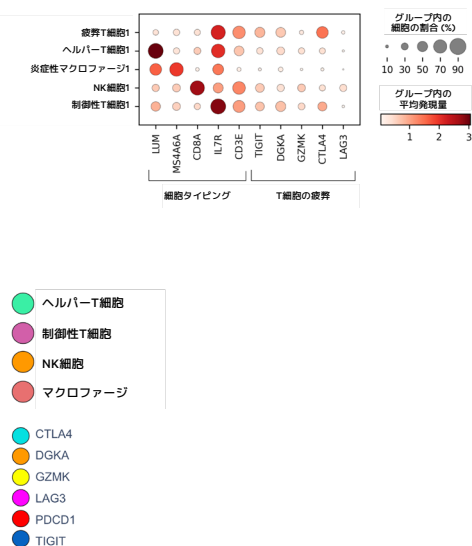
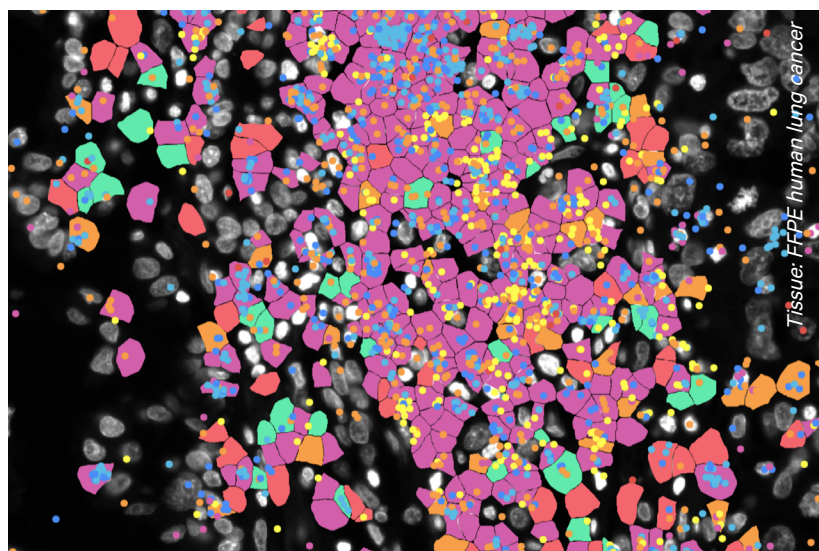
Xeniumの動作

Xenium In Situプラットフォーム上での高解像度空間マッピングにより、個々の細胞間相互作用に至るすべての細胞近傍関係を特定することが可能であり、複雑な生物学的プロセスについて比類のない洞察が得られます。

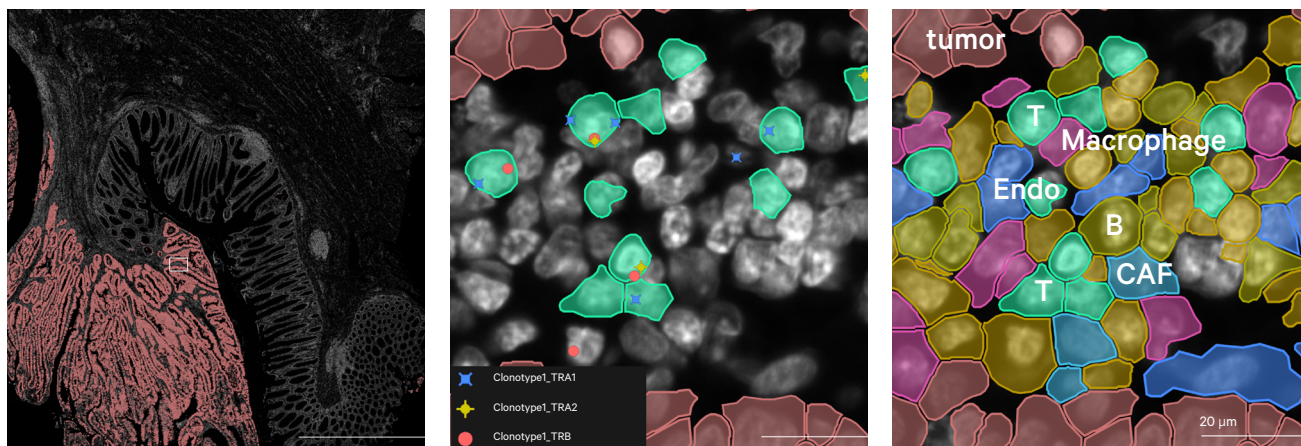
細胞組成の異なる明確な空間的ニッチを特定



組織微小環境内の細胞状態を詳しく特性解析



シングルセル免疫プロファイリングと組み合わせてカスタムプローブを設計し、組織の背景情報を持つ状態でのクローン増殖免疫細胞を追跡



Xenium Xplorerで強力な成果を産出

Xeniumプラットフォームによって、細胞内レベルの解像度で高プレックスRNAおよびマルチプレックスタンパク質の検出を行い、健康組織と疾患組織の両方について理解を深めることができます。Xeniumの有用性は以下のような分野において、数多くの文献で立証されています。

- びまん性正中線グリオーマの放射線治療に対する感受性を高める臨床的に意義のある機序の特定¹
- 肺腺癌の分子的小および細胞的な進行の段階を明確化²
- 肺線維症の病理および進行の根底にある空間的ニッチに関する新たな洞察の提供³
- Wnt/パスウェイにおけるDkk2の役割、および口蓋裂におけるその潜在的役割の特定⁴
- 乳癌免疫療法の今後の開発に向けた、空間的に定義された新たな潜在的バイオマーカーの特性解析⁵
- 多発性硬化症病変部における新規病理学的コンパートメントを明らかにし、潜在的な治療標的を特定⁶
- シングルセル解析と空間解析の組み合わせによるヒト肺の時空間的発生アトラスの作成⁷

Xeniumを活用した論文をさらに探索される場合は10x Genomicsのウェブサイトをご覧ください。



Xeniumの論文を検索

Xenium Analyzerの仕様

品目	製品番号
Xenium Analyzer	1000481
除振台	1000531
保証/保守プラン	1000482



重量	Xenium Analyzer : 249.5 kg Xenium解析コンピュータ : 25.8 kg 除振台 : 226.8 kg
寸法 (長さ × 幅 × 高さ)	Xenium Analyzer : 133.3 cm × 68.5 cm × 78.7 cm (ドア開状態で149.8 cm) Xenium解析コンピュータ : 17.8 cm × 67.3 cm × 45.7 cm
Xenium Analyzer電源仕様	200～240ボルト(交流)、50～60 Hz、6 A* *地域/国により電源要件は異なります
動作温度	19～25°C 一般的な実験室内環境でご使用ください。極端な温度条件は、本装置で使用する高感度の試薬に影響を及ぼします。
湿度	相対湿度30～80%(結露しないこと)
解像度	局在精度はXY方向で< 30 nm、Z方向で< 100 nm
スループット	スライドあたり最大236 mm ² 、週あたりでは最大1,400 mm ² まで解析可能(核ベースのセグメンテーションを使用した場合)。
対応サンプル種別	新鮮凍結およびFFPE組織切片
遺伝子発現およびマルチプレックス性能	現在は50～5,000遺伝子の検出をサポートしており、将来的にはインラインでのマルチプレックスタンパク質検出などの追加機能にも対応できるプラットフォーム
細胞セグメンテーション	自動化されたマルチモーダル細胞セグメンテーションは、ヒトおよびマウスのFF組織、FFPE組織について検証済み

ワールドクラスのサービスとサポート

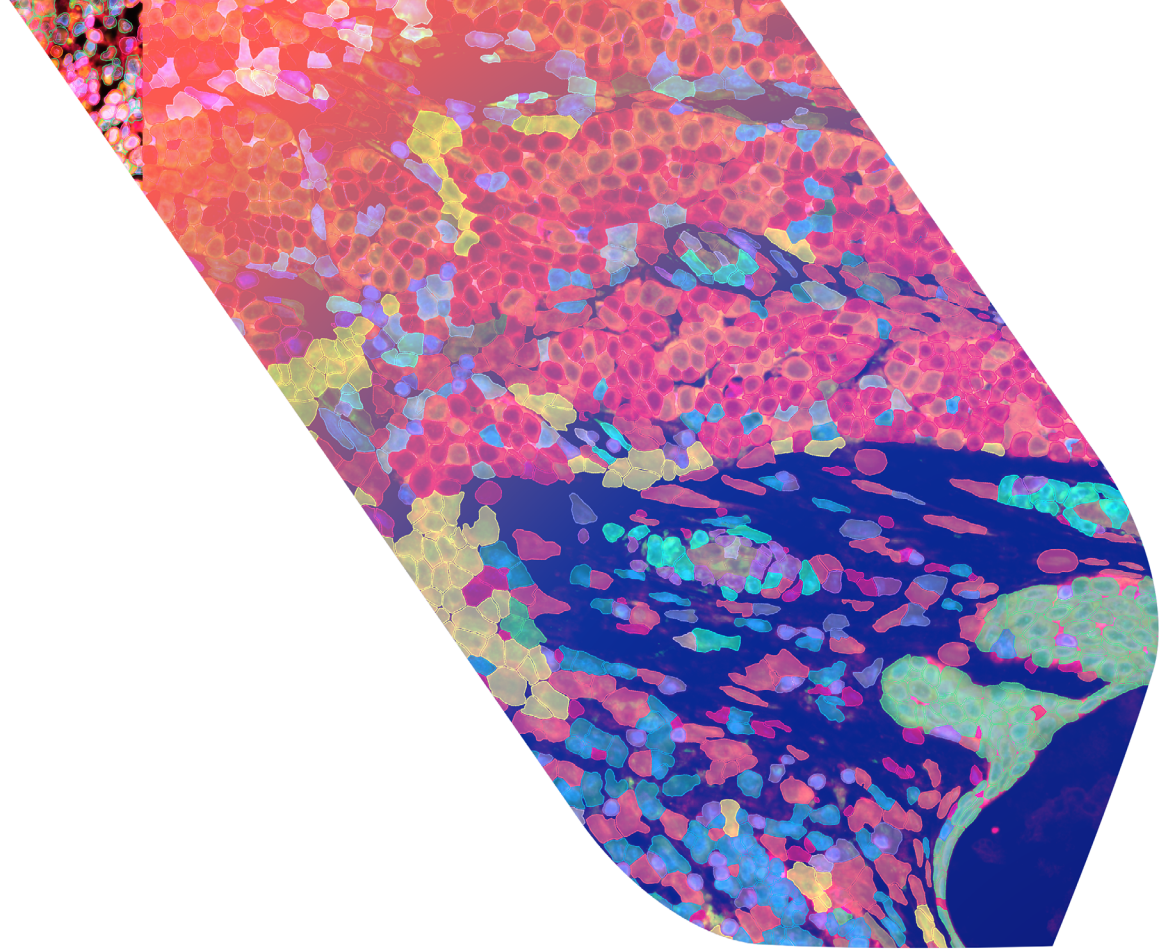
10x Genomicsのグローバルなカスタマーサポート、テクニカルサポート、フィールドサービスチームが、お客様のあらゆるステップをお手伝いいたします。Xenium Analyzerの12カ月間の包括的な保証・保守プランには、修正・予防メンテナンス、通常の摩耗・亀裂部品の交換、アプリケーションサポートが含まれます。



ユーザーガイド、
ソフトウェアの
ダウンロードなど、
包括的サポート
リソースへの
アクセスはこちらから

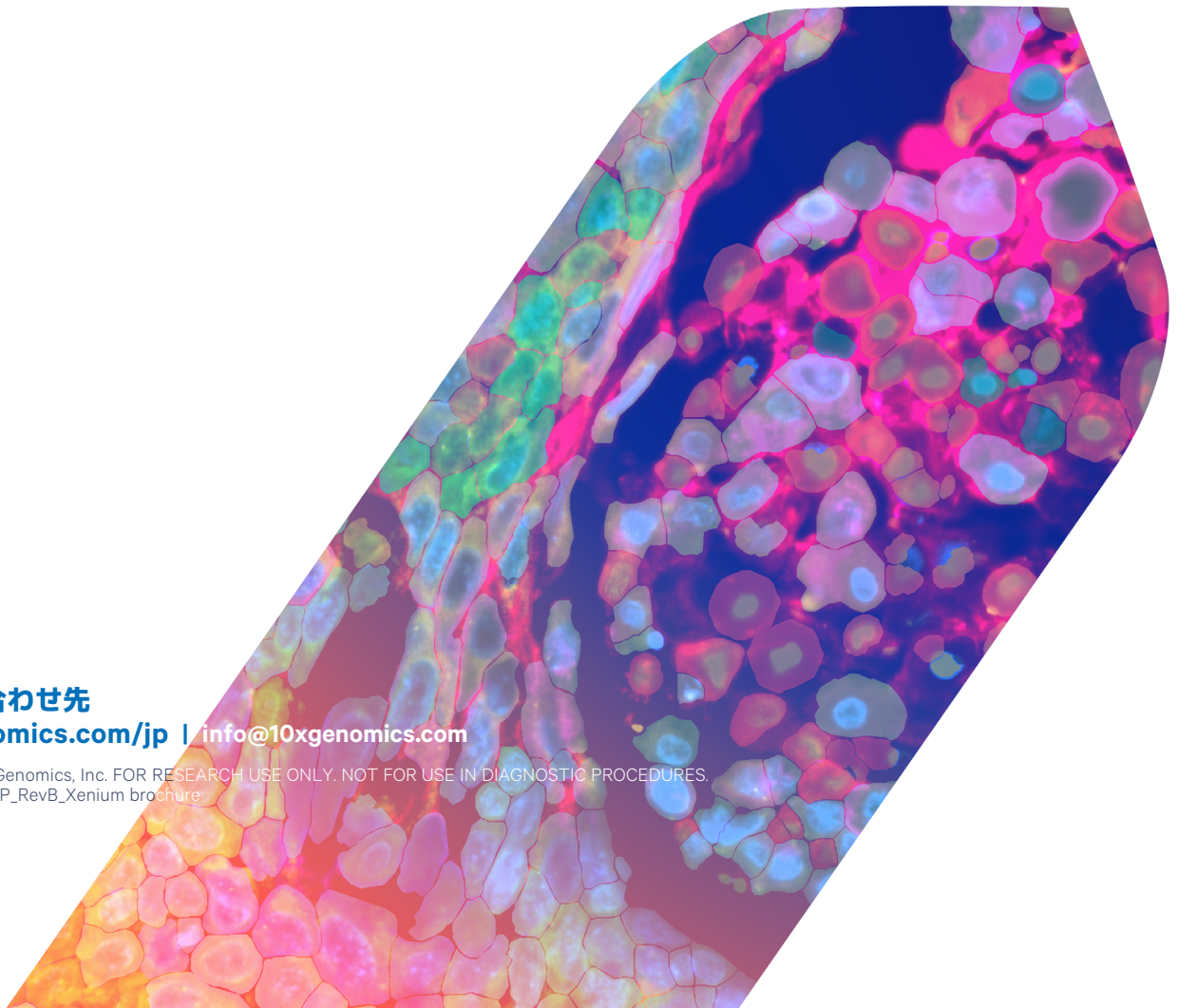
参考文献

1. Mangoli A, et al. Ataxia-telangiectasia mutated (Atm) disruption sensitizes spatially-directed H3.3K27M/TP53 diffuse midline gliomas to radiation therapy. *bioRxiv* (2023). doi: 10.1101/2023.10.18.562892
2. Haga, Y, et al. Whole-genome sequencing reveals the molecular implications of the stepwise progression of lung adenocarcinoma. *Nat Commun* 14: 8375 (2023). doi: 10.1038/s41467-023-43732-y
3. Vannan A, et al. Image-based spatial transcriptomics identifies molecular niche dysregulation associated with distal lung remodeling in pulmonary fibrosis. *bioRxiv* (2023). doi: 10.1101/2023.12.15.571954
4. Pina JO, et al. Spatial multiomics reveal the role of Wnt modulator, Dkk2, in palatogenesis. *J Dent Res* (2024). doi: 10.1177/00220345241256600
5. Wang N, et al. Spatial single-cell transcriptomic analysis in breast cancer reveals potential biomarkers for PD-1 blockade therapy. *Research Square* (2024). doi: 10.21203/rs.3.rs-4376986/v1
6. Kukanja P, et al. Cellular architecture of evolving neuroinflammatory lesions and multiple sclerosis pathology. *Cell* 187: 1990-2009.e19 (2024). doi: 10.1016/j.cell.2024.02.030
7. Quach H, et al. Early human fetal lung atlas reveals the temporal dynamics of epithelial cell plasticity. *Nat Commun* 15: 5898 (2024). doi: 10.1038/s41467-024-50281-5



詳細についてはウェブサイト

www.10xgenomics.com/jp/platforms/xenium をご参照ください。



お問い合わせ先

10xgenomics.com/jp | info@10xgenomics.com

© 2024 10x Genomics, Inc. FOR RESEARCH USE ONLY. NOT FOR USE IN DIAGNOSTIC PROCEDURES.
LIT000225-JP_RevB_Xenium brochure