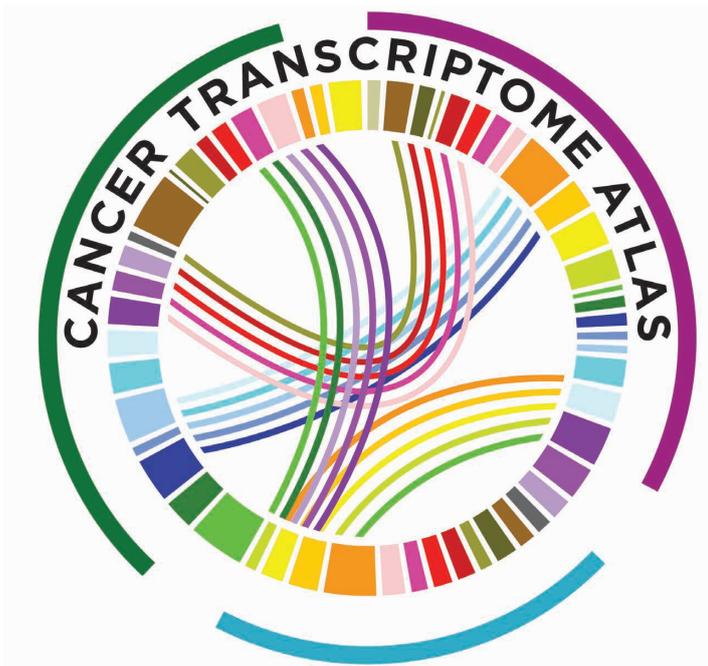


GeoMx[®] Cancer Transcriptome Atlas

GeoMx[®] Cancer Transcriptome Atlas(CTA) は、GeoMx[®] Digital Spatial Profiler(DSP) を用いて単一組織切片からあらゆる関心領域における 1,800 以上の RNA ターゲットをプロファイルし、同時に空間的な解析を行います。本製品は、腫瘍、腫瘍微小環境、腫瘍免疫状況を包括的にプロファイリングするようデザインされています。



Product Highlights

- 全がん生物学研究向けにデザインされた包括的な RNA コンテンツ
- 免疫応答、腫瘍微小環境、腫瘍生物学の広範囲なカバレッジ
- 腫瘍炎症シグネチャや PAM50 などの BC360 および IO360 からの臨床的に重要な遺伝子セットを含む
- がんのあらゆる側面を探索するための 100 を超えるパスウェイ
- RNAscope[®] Morphology Marker 用抗体に対応
- 最大 60 のターゲット遺伝子を任意に追加可能
- イルミナ次世代シーケンサー (NGS) リードアウトで使用
- 相互解析用に GeoMx[®] Data Center を利用

GeoMx[®] Cancer Transcriptome Atlasのデザイン

Cancer Transcriptome Atlas(CTA) は、1,800 以上の RNA ターゲットをプロファイルし、同時に空間解析を行うためにデザインされています。幅広い細胞プロファイリングを行うためのターゲットと、すべての GeoMx[®] DSP 実験のために必要なコントロールが含まれています。CTA は免疫応答、腫瘍生物学および腫瘍微小環境に必要な 112 のパスウェイを対象としています。GeoMx[®] RNA アッセイには、UV による光開裂リンカーを介した独自の DNA インデックスオリゴヌクレオチドに結合した *in situ* ハイブリダイゼーション (ISH) プローブが含まれています。GeoMx[®] DSP 上で関心領域 (ROI) を選択した後、DNA オリゴヌクレオチドは UV 切断され、イルミナシーケンサーでシーケンスされます。DNA オリゴヌクレオチド配列には、組織領域に戻してマッピングする ROI インデックス、ISH プローブによる RNA ターゲット同定配列、重複リードを排除するための固有分子識別子 (UMI) が含まれます。シーケンスされたオリゴヌクレオチドは処理されてから、スライド画像と ROI 選択とを統合するために GeoMx[®] Data Center プラットフォームに再びインポートされ、空間的に分解された RNA 発現が検証されます。

がん生物学用にキュレーションされたコンテンツ

GeoMx® CTAは腫瘍および腫瘍微小環境生物学のあらゆる側面をプロファイルするようデザインされています。付属のMorphology Marker Kitは組織の視覚化とROI選択用に使用できます。

獲得免疫	遺伝子数	自然免疫	遺伝子数
T cells B cells	130	Complement System	49
TCR & BCR Signaling	194	Dendritic Cells	19
Cancer Antigens	18	DNA & RNA Sensing	107
MHC Class I & II Antigen Presentation	86	Glycan Sensing	63
T-cell Checkpoints	27	Host Defense Peptides	22
TH1, TH2, TH9, Th17, and Treg Differentiation	107	Inflammasomes	11
		Myeloid Inflammation	96
		Neutrophil Degranulation	124

免疫応答	遺伝子数
Chemokine Signaling	121
Cytotoxicity	6
IL-1, IL-2, IL-6 & IL-17 Signaling	168
Immune Exhaustion	20
Interferon Response Genes	25
Lymphocyte Regulation & Trafficking	202
NF-κB Signaling	114
Other Interleukin Signaling	173
Prostaglandin Inflammation	4
TNF Signaling	96
Type I, II, & III Interferon Signaling	103

細胞機能	遺伝子数
Apoptosis	121
Autophagy	62
Cell Adhesion & Motility	139
Cell Cycle	167
Cilium Assembly	10
Differentiation	225
DNA Damage Repair	90
EMT	98
Endocytosis	57
Epigenetic Modification	166
Immortality & Stemness	33
Ion Transport	37
Lysosome	14
Oxidative Stress	151
Phagocytosis	105
Proteotoxic Stress	22
RNA Processing	35
Senescence	128

代謝	遺伝子数
Amino Acid Synthesis & Transport	55
Arginine & Glutamine Metabolism	51
Fatty Acid Oxidation & Synthesis	15
Glycolysis & Glucose Transport	29
Glycosylation	12
IDH1/2	10
Lipid Metabolism	78
Mitochondrial Metabolism / TCA	52
Nucleotide Synthesis	10
Pentose Phosphate	7
Tryptophan & Kynurenine Metabolism	4
Vitamin & Cofactor Metabolism	28

組織コンパートメント	遺伝子数
Tumor Biology	1454
Immune Response	1481
Microenvironment	978

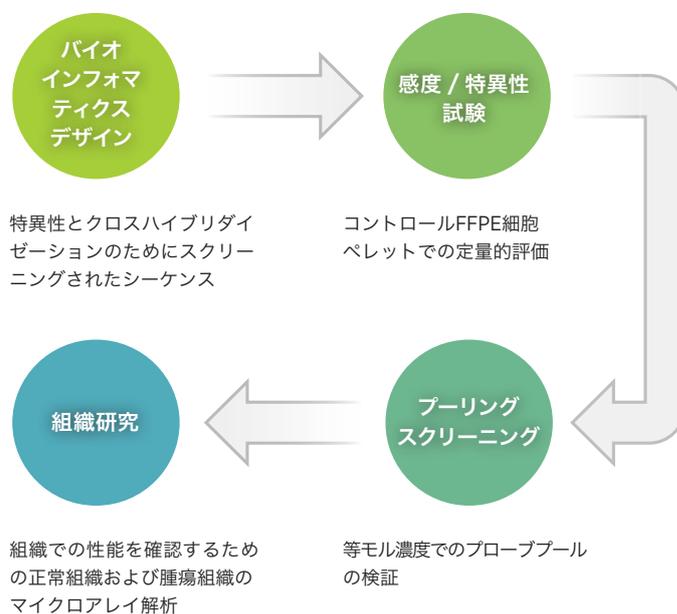
シグナリングパスウェイ	遺伝子数
AMPK Signaling	44
Androgen Signaling	32
EGFR Signaling	17
ERBB2 Signaling	21
Estrogen Signaling	84
FGFR Signaling	40
FoxO Signaling	79
GPCR Signaling	177
Hedgehog Signaling	45
HIF1 Signaling	68
Insulin Signaling	81
JAK-STAT Signaling	118
MAPK Signaling	261
MET Signaling	34
mTOR Signaling	76
Myc	26
NO Signaling	10
Notch Signaling	74
p53 Signaling	76
PDGF Signaling	30
PI3K-Akt Signaling	242
PPAR Signaling	15
Purinergic Signaling	3
Retinoic Acid Signaling	5
TGF-beta Signaling	69
VEGF Signaling	69
Wnt Signaling	124

生理学および疾患	遺伝子数
Angiotensin System	5
Circadian Clock	22
Drug Resistance	3
Glioma	60
Leukemia	93
Matrix Remodeling and Metastasis	52
Melanoma	70
Neuroendocrine Function	8
Prostate Cancer	92

組織コンパートメント	遺伝子数
Tumor	1622
Immune	1396
Stroma	1024

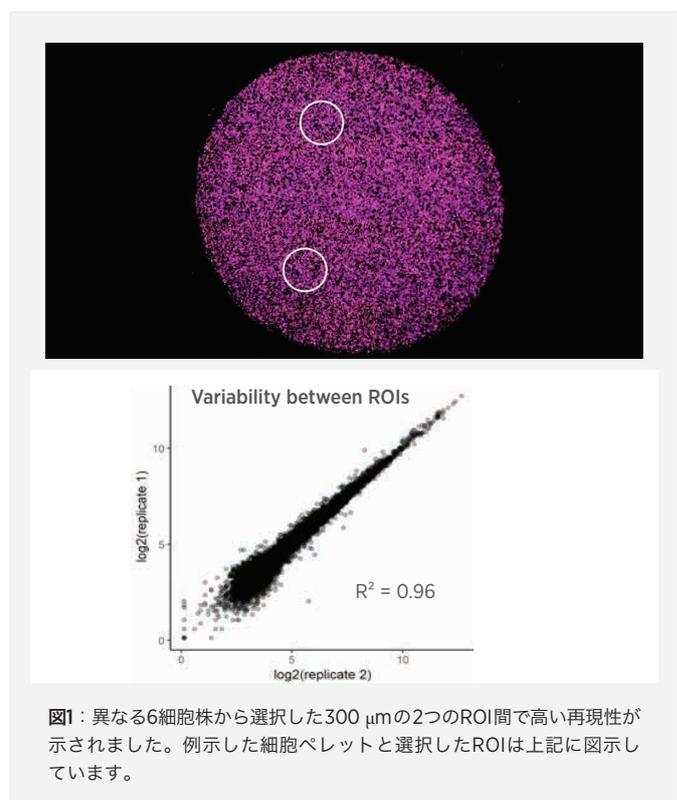
すぐに使用できる検証済みのアッセイ

すべてのGeoMx® RNAアッセイに対して、広範囲な検証が行われており、高品質なGeoMx® DSPデータを保証します。



高い再現のある空間的RNAプロファイリング

RNA検出により、細胞ペレットアレイ内の6細胞株から選択したROI間で高い再現性が示されました(図1)。



すべてのターゲットにわたる高い感度

GeoMx® CTAは、The Cancer Genome Atlas(TCGA)²の幅広い対象遺伝子から、高、中、低発現する遺伝子を検出します。

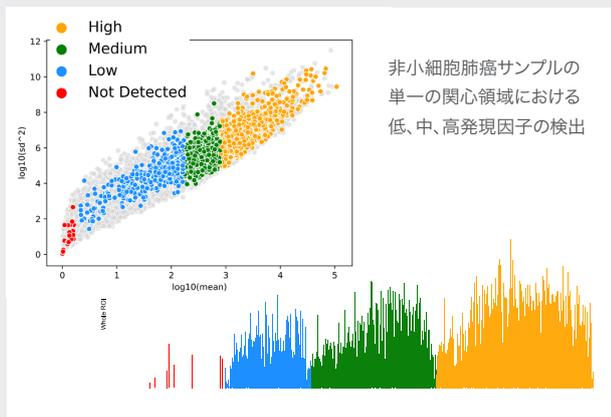


図2：TCGA発現レベルデータに基づく、低、中、高発現因子の同じサイズのビンにおける、CTAのカバレッジをTCGAと比較しました(左)。1FPKM未満の平均TCGA発現レベルは不検出として分類されます。

組織不均一性の解明

非小細胞肺癌(NSCLC)サンプルからの関心領域(ROI)のセグメンテーション解析により、腫瘍および腫瘍微小環境のセグメントにおける異なるRNA発現プロファイルが示されました。このプロファイルはROIを全体としてプロファイルした場合は見えなくなります(図3)。

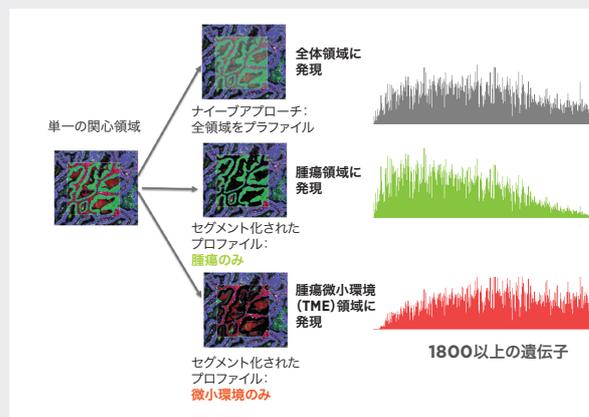


図3：ROIの選択はNSCLC組織の腫瘍および腫瘍微小環境(免疫)の混合したセグメントで行われ、ROIのセグメント化はPanCKおよびSYTO 13(核)の形態染色に基づいて行われました。RNA発現は、腫瘍微小環境セグメントと比較して、腫瘍セグメントにおいて異なるプロファイルを示します。

がん生物学のための包括的なカバレッジ

Cancer Transcriptome Atlasは、がん生物学研究用にデザインされており、不必要なターゲットをシーケンスすることなく、腫瘍生物学、腫瘍微小環境、免疫応答の完全なカバレッジを提供します。

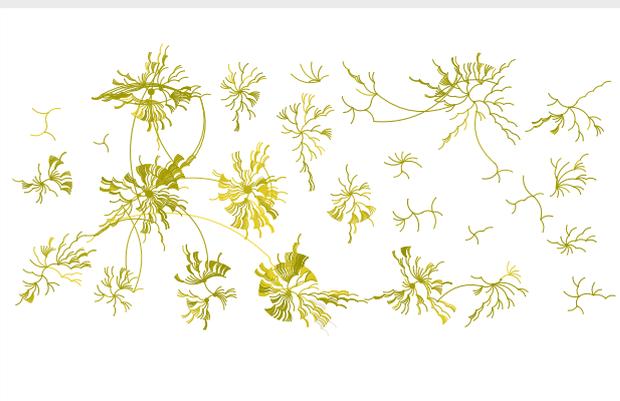
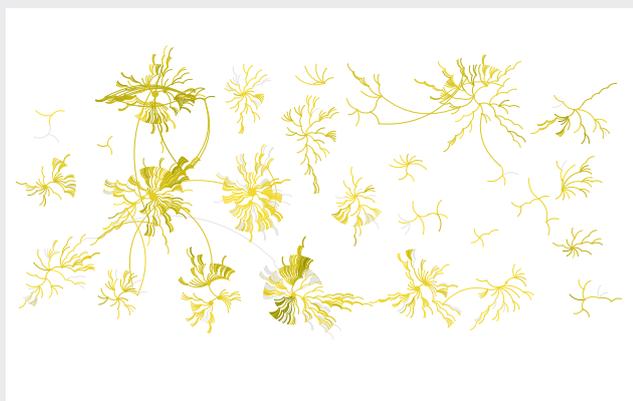


図4：Cancer Transcriptome Atlasパスウェイ解析(左)とWhole Transcriptomeパスウェイ解析(右)の比較より、Cancer Transcriptome Atlasの包括的なカバレッジが示されており、これにはシグナル伝達、代謝および免疫系などのあらゆる生物学の領域が含まれています³。1,800以上のCTAターゲットから全トランスクリプトームにRNAターゲット数を増やすことにより、がん生物学のカバレッジに生じるのは、最小限の増加のみです。

GeoMx® Data Center

GeoMx® Data Centerソフトウェアは、シングルセル解像度で組織全体の視覚化と高度なROI選択を独自に組み合わせることで、組織切片の包括的な空間プロファイルを実現します。完全に統合されたワークフローにより、一致するプロファイルデータの画像データを追跡することができます。これにより、ユーザーがデータ収集からデータ解析までを簡単に実行でき、リアルタイムでのデータタイプも操作できます。データ解析モジュールは生データの品質を評価し、データセットをノーマライズするためのオプション数を提供します。さらに、さまざまなデータ視覚化形式によって論文にふさわしい品質の図をエクスポートすることが可能です。視覚化プロットには、ヒートマップ、クラスター、棒グラフ、ボックスプロット、散布図、折れ線グラフ/時系列プロット、ストリッププロット、ボルケーノプロット、主成分分析 (PCA) があります。

RNAプローブリストの一覧は、nanosttring.com/geomxassays をご覧ください。

ご注文情報

GeoMx® Cancer Transcriptome Atlas			
製品	製品説明	数量	カタログ番号
GeoMx® Cancer Transcriptome Atlas <i>Human RNA for Illumina Systems</i>	1,800以上のターゲット、ヒト免疫応答、腫瘍生物学、腫瘍微小環境用のコントロールを含むRNAパネル。 イルミナNGSリードアウト用のRNAプローブを含みます。	4 Slides	GMX-RNA-NGS-CTA-4
GeoMx® Morphology Kit			
製品	製品説明	数量	カタログ番号
GeoMx® Solid Tumor TME Morphology Kit <i>Human RNA Compatible</i>	ヒト固形腫瘍および腫瘍微小環境の視覚化のための形態解析キット。RNAアッセイで使用します。Pan-CK、CD45および核染色に対する蛍光抗体を含みます。	12 slides	GMX-RNA-MORPH-HST-12
GeoMx® Melanoma TME Morphology Kit <i>Human RNA Compatible</i>	黒色腫および腫瘍微小環境の視覚化のための形態解析キット。RNAアッセイで使用します。S100B/Pmel17、CD45、核染色に対する蛍光抗体を含みます。	12 slides	GMX-RNA-MORPH-HMEL-12
追加のアッセイ試薬			
製品	製品説明	数量	カタログ番号
GeoMx® Seq Code Pack <i>Compatible with Illumina Systems</i>	GeoMx® DSP RNAおよびタンパク質解析用のNGSリードアウト試薬。Seq Codeプライマープレート2種類 (A&B、C&D、E&FまたはG&Hから選択) およびユニバーサル酵素マスターミックス2個を含みます。	192 AOI	GMX-NGS-SEQ-[XX]
GeoMx® RNA Slide <i>Prep Kit for FFPE-PCLN</i>	GeoMx® DSP RNA解析用のサンプル調製試薬。Buffer W、Buffer SおよびBuffer Rを含みます。	12 slides	GMX-PREP-RNA-FFPE-PCLN-12
GeoMx® DSP Collection Plate	GeoMx® DSP上で使用するためのバーコード付加された回収プレート。AOIのトラッキングに必要です。キットには384のAOIに対応する4プレートが含まれます。	1 Pack	GMX-DSP-COLL-PLT-4
GeoMx® DSP Instrument Buffer Kit-PCLN	GeoMx® DSP用のバッファキット。Buffer SおよびBuffer Hを含みます。約24サンプルと約12のAOIにそれぞれに十分な量です。必要な容量は、実験デザインによって変わる場合があります。	1 Kit	GMX-DSP-BUFF-KIT-PCLN

References

- Ayers, Mark, et al. IFN- γ -related mRNA profile predicts clinical response to PD-1 blockade. *Journal of Clinical Investigation*. 127.8 (2017).
- National Cancer Institute: The Cancer Genome Atlas Program. cancer.gov/tcga
- Pathway Analysis figures from Reactome, Copyright 2020 Reactome, License CC BY 4.0. Image cropped from original.

詳細は、nanosttring.com/Geo/MxDSP をご覧ください。

NanoString Technologies, Inc.

530 Fairview Avenue North T (888) 358-6266 nanosttring.com
Seattle, Washington 98109 F (206) 378-6288 info@nanosttring.com

Sales Contacts

United States us.sales@nanosttring.com
EMEA: europe.sales@nanosttring.com
Asia Pacific apac.sales@nanosttring.com

Japan japanmarketing@nanosttring.com
Other Regions info@nanosttring.com

本製品の使用目的は研究用で、診断には使用できません。

©2017-2022 NanoString Technologies, Inc. All rights reserved. NanoString, NanoString Technologies, GeoMx, NanoString 社のロゴ、nCounter, nSolver は、米国若しくはその他の国、またはその両方における NanoString Technologies Inc. の商標または登録商標です。NanoString 社に帰属しない上記以外の商標については、それぞれの所有者に帰属します。