

Illumina StrataMap™ Spatial

細胞レベルの解像度で
全トランスクリプトーム
空間プロファイリング



選択した領域に解析を限定せずに、
1枚のスライド上の組織切片全体を
プロファイリング



既定のパネルを使わずに、組織全体の
遺伝子発現を細胞レベルの解像度で
解析



空間解析をイルミナシーケンス
システムおよび解析ツールに統合

はじめに

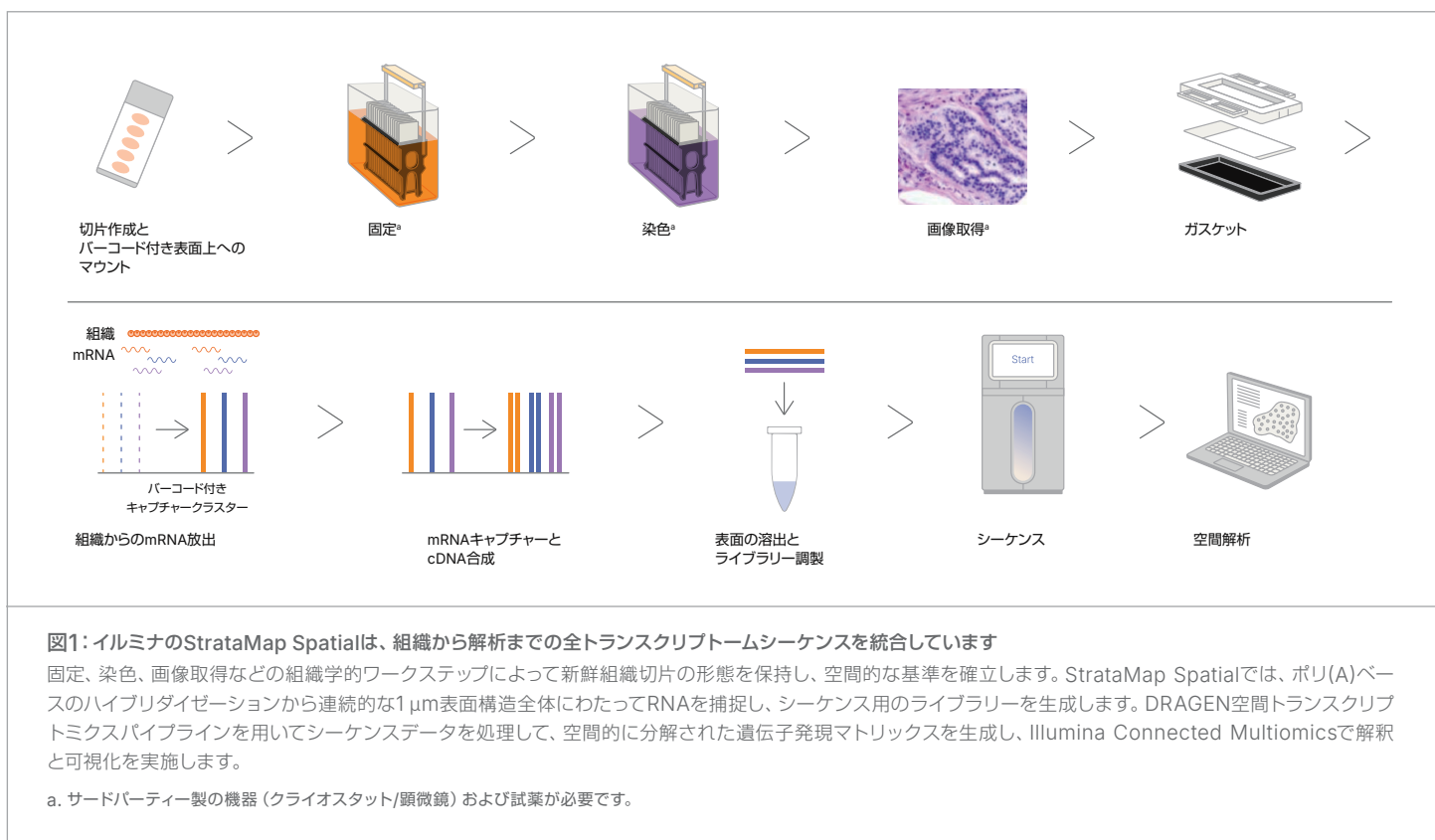
空間トランスクリプトミクスは、組織構造を保ったまま遺伝子発現をプロファイルし、細胞や組織構造全体にわたる生物学的活性の空間的分布を明らかにします。空間コンテキストを維持することで、遺伝子発現パターンと位置情報を結びつけ、細胞間相互作用、組織構成、および疾患生物学を、本来の組織環境内で直接検証できるようになりました。このように分子情報と空間情報を統合することにより、組織アトラスの作成、腫瘍微小環境の特性評価および細胞タイプのマッピングなどのアプリケーションに対応します。¹⁻³

空間解析テクノロジーは、組織内での遺伝子発現プロファイル能力を拡張してきましたが、多くの手法では、依然としてトランスクリプトームカバレッジ、空間解像度および組織領域のバランスを取る必要があります。イメージングベースの手法は高い空間解像度を実現しますが、通常は解析対象が既定の遺伝子パネルに制限されるため、発見が限定されます。さらに、イメージングベースの手法では、高額な専用装置を使う必要があります。シーケンスベースの手法では、より広範囲でバイアスのないプロファイリングが可能ですが、キャプチャー領域やスケーラビリティが制限される場合があり、空間解像度とのトレードオフが必要になることも多々あります。これらの制限により、1回の実験において、解像度、カバレッジ、規模との間で妥協を図らなければならない場合があります。⁴⁻⁶

イルミナのStrataMap Spatialは、次世代シーケンサー (NGS) による全トランスクリプトーム解析、細胞レベルの解像度でのマッピング、広範囲な組織プロファイリングを統合しています (図1)。組織構造や空間構成を保持したまま組織切片全体の遺伝子発現解析が可能となり、解像度、トランスクリプトームカバレッジまたは組織コンテキストが制限されている場合に見落とされる可能性のある、細胞構成や生物学的構造の解明が実現します。

StrataMap Spatialは、組織から直接ゲノムワイドな発現を捉えることで、仮説不要の空間的探索を実現し、多様な細胞集団や組織領域にわたる遺伝子発現解析を1回の実験で可能にします。

StrataMap Spatialにより、遺伝子発現の空間プロファイリングと標準的な組織病理学的手法および既存のイルミナシーケンスシステムを統合できるようになりました。これにより、特別な装置を使わずに空間トランスクリプトミクス研究を導入し、新しい発見の機会を広げることが可能です。



空間トランスクリプトミクスとイルミナNGSとの統合

StrataMap Spatialは組織学、空間バーコーディング、全トランスクリプトームシーケンスをNGSベースのワークフローに統合し、空間的に分解された遺伝子発現データを組織切片から生成します(図1)。このワークフローは標準的な組織学的プロセスと統合されているため、確立されたラボ業務に組み込むことが可能です。さらに、既存のイルミナハイスループットシーケンスシステムおよびイルミナのデータ解析・視覚化ツールとも統合されているため、空間解析専用の装置なしに導入できます。

ステップ1: 組織調製とイメージング

- 新鮮凍結切片を作成し、バーコード付きのキャプチャー表面にマウントします。この表面は組織全体切片、複数の切片またはサンプルに対応しています。
- 組織の固定、染色、イメージングにより、構造を保持して空間的な基準を確立します。

ステップ2: RNAキャプチャーとライブラリー調製

- 組織を透過処理し、空間構成を保持したままRNAを放出します。
- ポリ(A)キャプチャーにより、連続した1 µmの表面構造上でRNAが空間情報バーコード付きオリゴヌクレオチドにハイブリダイズします。
- 転写産物を特定の細胞の位置情報と紐づける空間インデックスが付加されたcDNAが生成されます。
- cDNAを回収し、標準的なワークフローを用いてシーケンス用ライブラリーを調製します。

ステップ3: イルミナシステムでのシーケンス

- イルミナハイスループットシーケンスシステム(例: NovaSeq™またはNextSeq™シーケンスシステム)を用いてライブラリーをシーケンスします。
- シーケンス深度は、組織の複雑性および研究デザインに基づいて調整します。

ステップ4: データ解析

- DRAGEN™空間トランスクリプトミクスパイプラインを用いてシーケンスデータを処理し、空間的に分解された遺伝子発現行列を生成します。
- Illumina Connected Multiomicsで、クラスタリング、細胞タイプの同定、組織コンテキスト内での遺伝子発現の探索などのデータの解釈および視覚化を実施します。

バイアスのない探索のための全トランスクリプトーム解析

バイアスのない空間的遺伝子発現プロファイリングには、既定の遺伝子セットではなく、全トランスクリプトーム解析が必要です。StrataMap Spatialは、ポリ(A) RNA配列をキャプチャーし、組織から直接転写産物をゲノム全体にわたって解析するため、多様な生物学的コンテキストにわたって、探索的解析を可能にします。

全トランスクリプトーム空間プロファイリングは、複雑な組織環境の細胞構成や生物学的相互作用の特性評価を実現します。StrataMap Spatialにより、高悪性度浸潤性乳管がん(IDC)組織における腫瘍微小環境全体の腫瘍細胞、間質線維芽細胞およびマクロファージ集団に関連する特徴的な発現パターンが明らかになりました(図2)。

対象を絞ったプローブベースのパネル法と比較して、全トランスクリプトーム空間プロファイリングでは、解析を既定のターゲットに限定することなく、さまざまな遺伝子発現を幅広く検出することができます。StrataMap Spatialは、IDC組織において一般的に用いられる5,000または18,000遺伝子パネルでは捕捉されない、発現差のあるバイオマーカーを同定し、バイアスのない包括的な発見をもたらす機会を拡大しました(図3)。

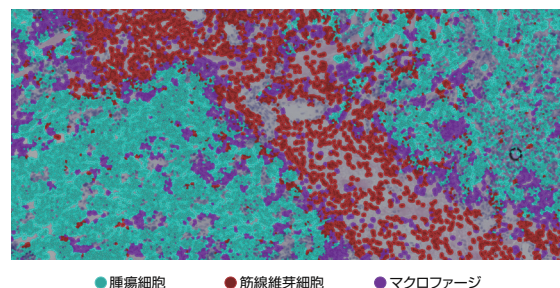
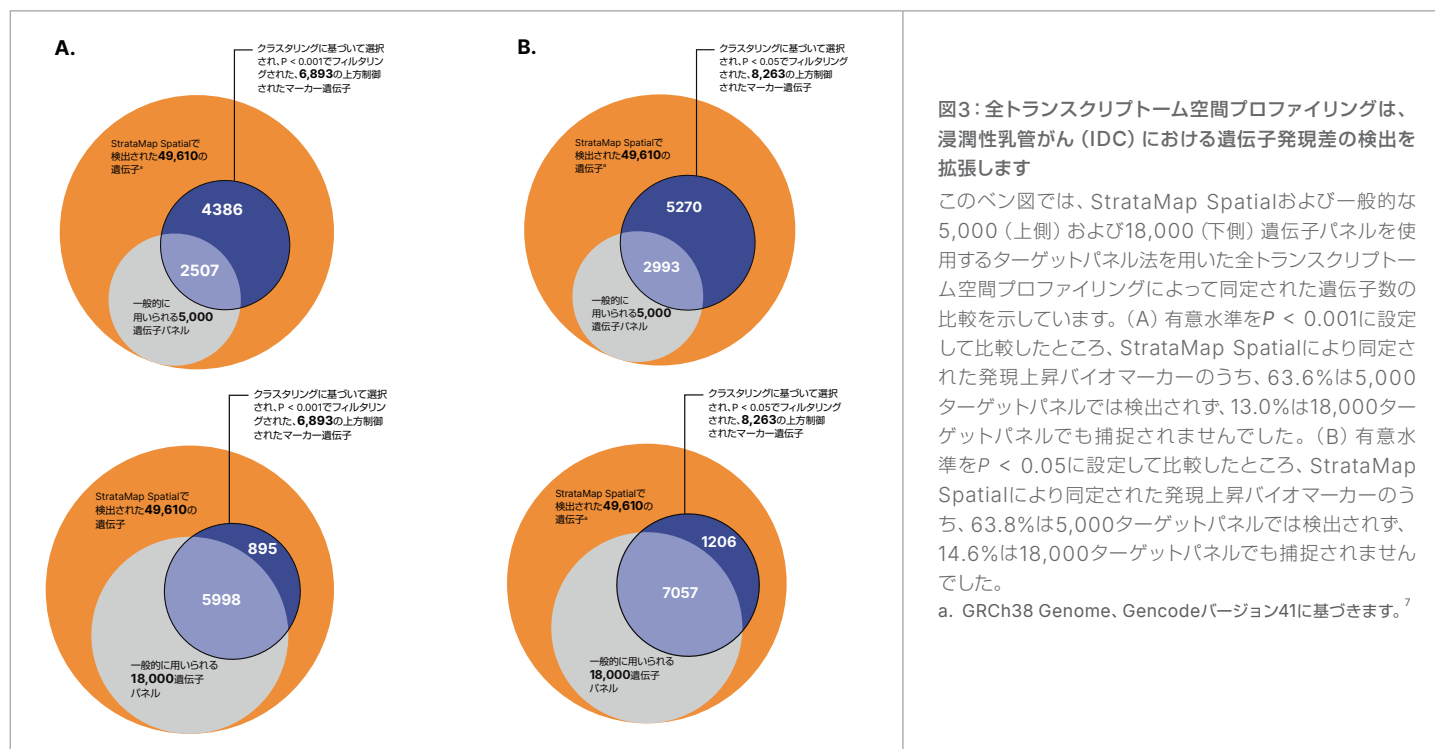


図2: StrataMap Spatialは、腫瘍微小環境内の細胞多様性を明らかにします

高悪性度浸潤性乳管がん(IDC)検体の全トランスクリプトーム空間プロファイリングにより、腫瘍微小環境全体の空間的に組織化された遺伝子発現パターンが解明されます。この画像では、増殖中の腫瘍細胞(青緑)、デスモプラスト間質内のがん関連線維芽細胞(赤)、腫瘍間質境界面および腫瘍組織全体に分布する腫瘍促進マクロファージ(紫)の広がりが高ライトされています。



細胞特性評価に適した高解像度マッピング

StrataMap Spatialは、空間情報の詳細を保持する1 μm の連続表面フィーチャーによって、より広い領域のシグナルを集約せずに、細胞レベル解像度での空間マッピングを可能にします。この解像度は、キャプチャー表面の構造、空間的にエンコードされた転写産物のキャプチャー、および計算解析の統合により実現されています。また、スライド表面のフィデューシャルマーカーにより、組織学画像とシーケンス由来の空間データとの正確なアライメントが可能になるため、組織形態と遺伝子発現の精密な位置合わせが可能です。さらに、解析パイプライン内に統合された細胞セグメンテーションにより、より精密に空間情報が割当てられるため、遺伝子発現を細胞レベルの解像度で局在化できるようになります。

StrataMap Spatialの高空間解像度により、同一切片内の構造化された細胞集団と局所的な遺伝子発現パターンを同時に可視化することができます。例として、非浸潤性乳がん (DCIS) 組織を示します (図4)。細胞タイプ分類および転写産物レベルのヒートマップは、複雑な組織領域の細胞組成および空間的な構成の解釈に役立ちます。このレベルの詳細な空間情報であれば、隣接する細胞集団間の境界を明確にし、より広い領域でシグナルを平均化すると分かりにくくなる可能性のある、局所的な発現パターンを捉えることができます。

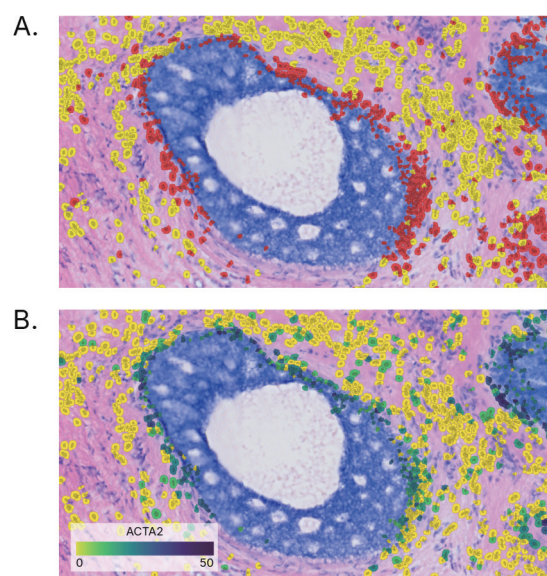


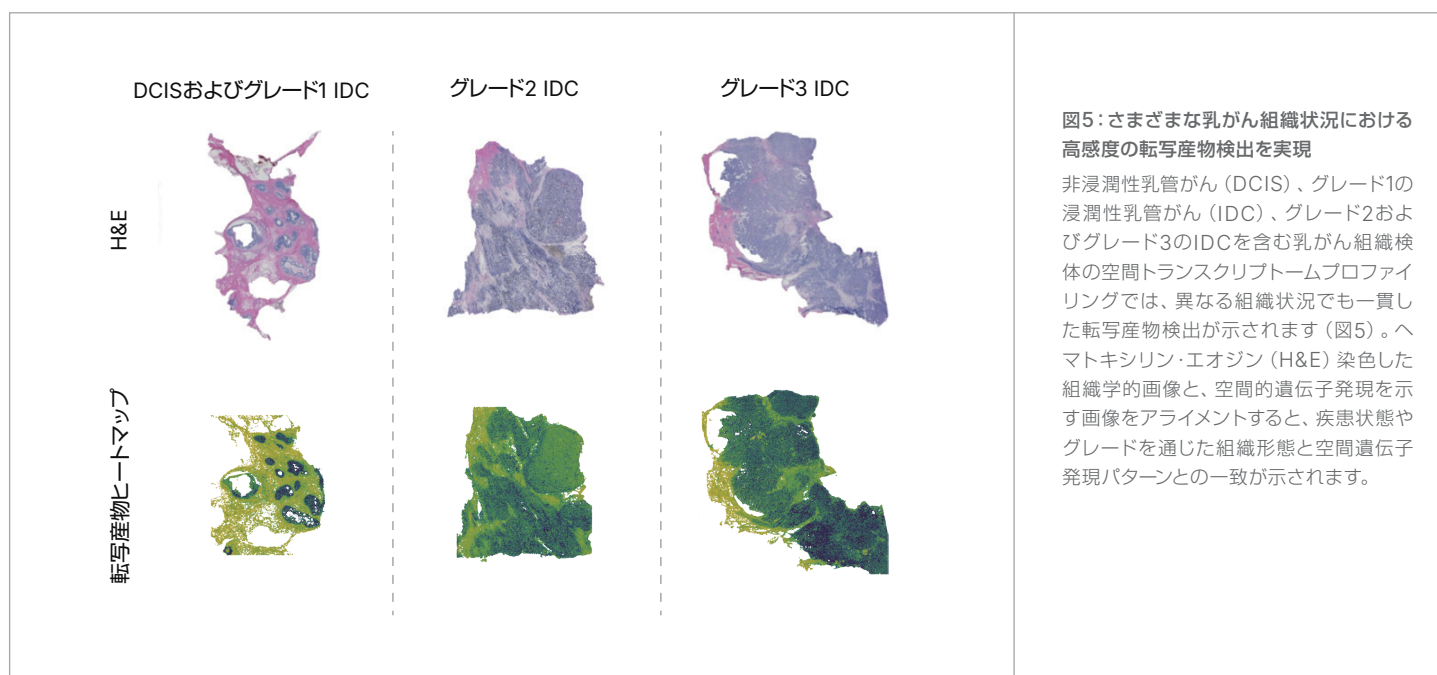
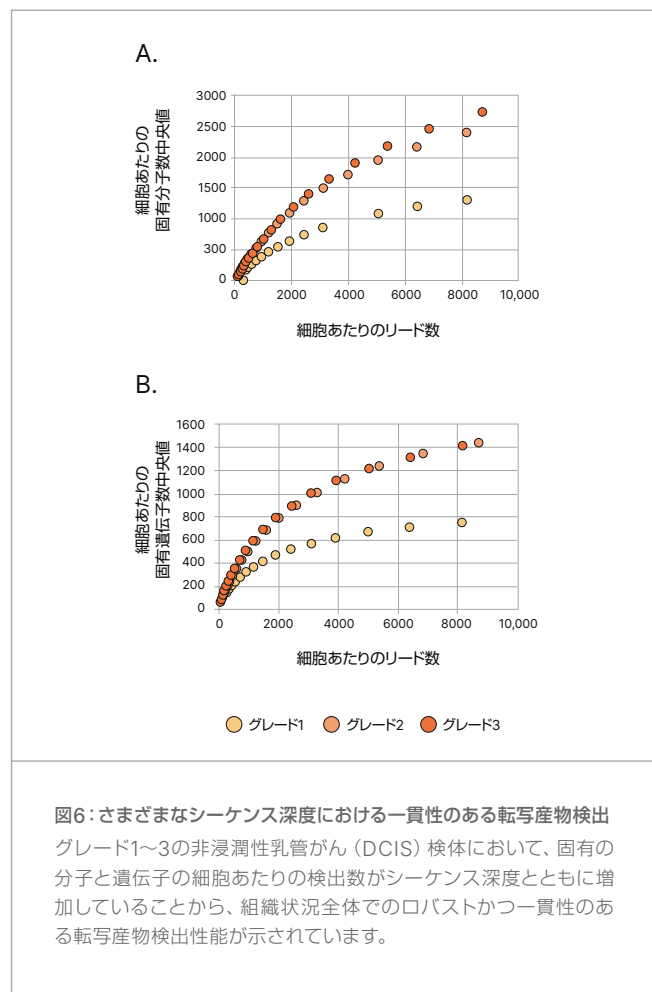
図4: 細胞レベルの解像度の空間マッピングにより、細胞集団と局所的遺伝子発現が示されています

非浸潤性乳がん (DCIS) 組織における、細胞レベルの解像度でマッピングされた局在化した遺伝子発現パターンを示しています。

(A) 細胞タイプの可視化により、正常な間質に存在する線維芽細胞 (黄) と、腫瘍と間質境界部に位置する筋線維芽細胞 (赤) の空間的に分解された分布を示しています。(B) 筋線維芽細胞のバイオマーカーであるACTA2の同一の組織切片内の空間的発現。

高感度の転写産物検出

StrataMap Spatialを用いて、DCIS、グレード1のIDC、グレード2およびグレード3のIDCを含む乳がん組織検体の空間トランスクリプトームプロファイリングを実施したところ、さまざまなレベルの組織複雑性にわたって一貫した転写産物の検出が示されました（図5）。空間発現ヒートマップとアライメントした組織学画像から、疾患状態やグレードの組織形態と遺伝子発現パターンを関連付けることができます。定量的解析では、シーケンス深度の増加に伴い、細胞あたりのユニークな分子および遺伝子の検出数の増加が示されました（図6）。遺伝子と分子の検出数は、すべての組織型およびグレードにわたって、リード深度に伴って予測通りに増加しており、これは捕捉が効率的に行われていること、および細胞組成やRNA含有量が異なる組織でも一貫した性能が発揮されていることを示しています。この高感度により、高発現転写産物と低発現転写産物の両方を検出し、複雑な組織環境に存在する不均一な細胞集団を明らかにできるようになりました。



組織全体をプロファイリングできる 大きなキャプチャー領域

StrataMap Spatialは、750 mm²のキャプチャー領域を使用するため、1枚のスライド上に組織全体の切片や複数の切片またはサンプルをマウントすることができます。例えば、複数のマウス心臓組織切片をキャプチャー領域に配置し、空間コンテキストを保持したままですべての組織切片の空間トランスクリプトミクスプロファイリングを実施できます（図7）。

空間遺伝子発現パターンが広範な組織領域全体にわたって維持されるため、細胞不均一性および領域間の変動を1回の実験で解析できます。キャプチャー領域が大きいため、大規模な組織アトラス作成や空間再構築ワークフローなど、高いサンプルスループットや広範囲な組織カバーレージを必要とする研究における実験の柔軟性が向上します。

細胞状態の同定に適した統合型解析

空間トランスクリプトームデータの解釈には、遺伝子発現、空間コンテキスト、細胞タイプ同定を単一の解析環境で統合することが必要です。Illumina Connected Multiomicsは、空間データ統合、視覚化および解釈のためのクラウドベースのプラットフォームであり、シーケンス出力を生物学的に意味のある洞察と関連付けます。

Illumina Connected Multiomicsでは、同一組織切片内の空間ドメイン、細胞タイプのアノテーション、転写パターンの比較が可能です（図8）。組織構造、細胞集団および遺伝子発現の関係性は、クラスタリング、次元削減および空間転写産物マッピングなど、紐づけられた解析ビューから探索することができます。

Illumina Connected Multiomicsの主な機能には以下が含まれます。

- ジョイント解析のための空間データセットの統合
- クラスタリングおよび細胞タイプの同定
- 組織コンテキスト内での遺伝子発現の視覚化

インタラクティブなグラフィカルユーザーインターフェースにより、空間トランスクリプトームデータを直接探索できるため、専用パイオインフォマティクスワークフローへの依存を低減できます。この統合型の手法は、複数の解析ツールやカスタムパイプラインなしに、複雑なデータセットの効率的な解析を実現します。

生物種を問わないワークフローで多様な用途に対応

StrataMap Spatialは、ポリ(A)ベースのキャプチャー法を用いて、種特異的プローブに依存することなく、組織から直接転写産物を解析します。この手法により、アッセイの再設計や既定のプローブセットなしに、幅広い真核生物種に対する遺伝子発現プロファイリングが可能になります。

StrataMap Spatialはモデル生物および非モデル生物のさまざまなサンプルタイプの遺伝子発現を捉えることができ（表1）、比較生物学から異種移植研究まで幅広い用途に対応しています。広範囲な生物種に使えるため、種ごとに専用プローブを設計したり、既存のプローブパネルのある種に解析を限定したりする必要がなくなり、広く研究されている生物種の枠を超えて空間トランスクリプトミクスを拡張することができます。

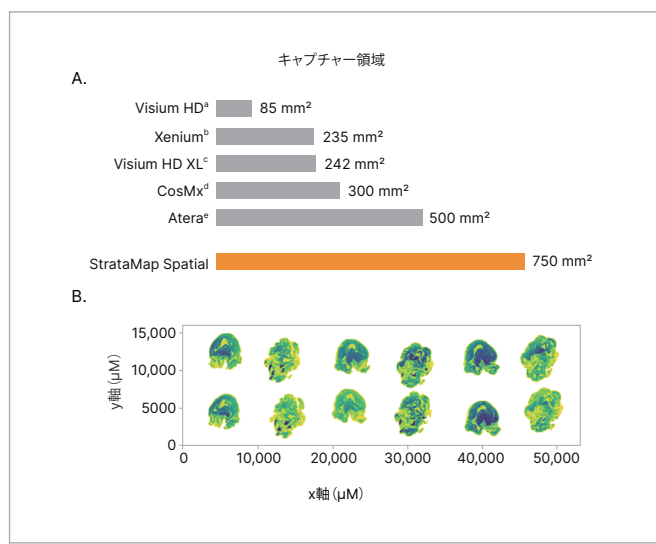


図7：大面積フォーマット空間キャプチャーにより、マルチサンプルおよび組織全体のプロファイリングに対応します

StrataMap Spatialは、大面積フォーマット空間プロファイリングを可能にする750 mm²のキャプチャー領域を備えており、より広範囲な組織をカバーし、組織選択の必要性を低減します。(A) 空間トランスクリプトミクスの各プラットフォームにおける空間キャプチャー領域の比較。(B) 未経産マウスと妊娠マウスの心臓組織切片の転写変化。未経産マウスと妊娠マウスの組織切片は、左から右へと交互に配置されており、上段と下段はそれぞれのレプリケートを示しています。

- 6.5 × 6.5 mmのキャプチャー領域に基づく。スライド1枚あたり2領域。⁸
- 235 mm²の利用可能なサンプル配置領域。
- 11 × 11 mmのキャプチャー領域に基づく。スライド1枚あたり2領域。⁸
- スライド1枚あたり最大300 mm²までの柔軟なスキャン領域。¹⁰
- スライド1枚あたりの画像取得可能領域。¹¹

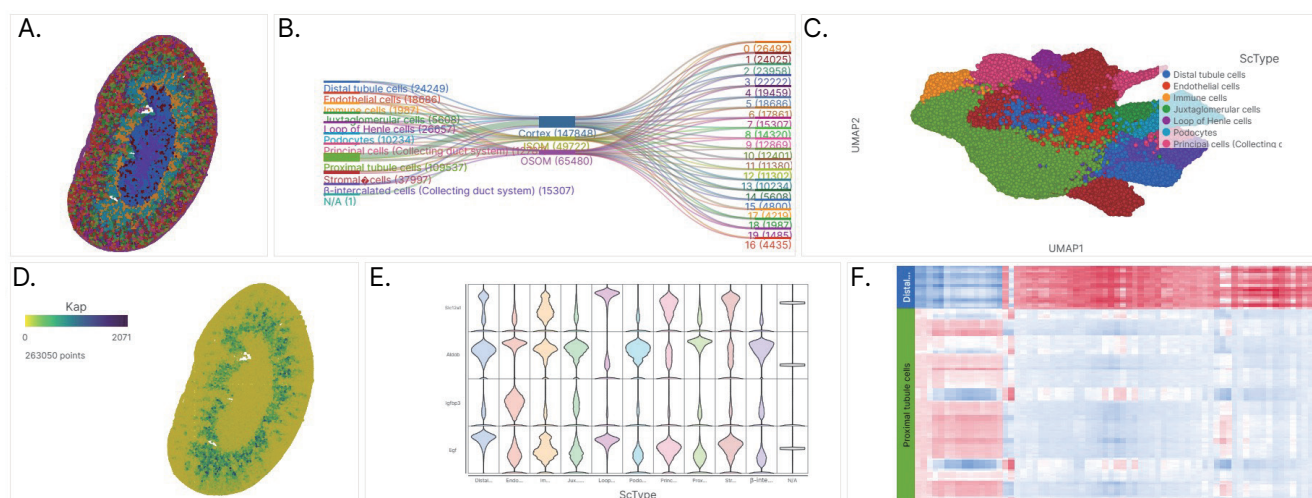


図8：Illumina Connected Multiomicsは空間的な可視化とトランスクリプトミクス解析の統合解析に対応します

Illumina Connected Multiomicsで生成されたマウス腎臓サンプルの空間解析出力。(A) 組織切片全体の空間ドメイン。(B) 細胞タイプアノテーション、手動でアノテーションされた組織領域および空間ドメイン間の関係を示すサンキーダイアグラム。(C) 細胞タイプごとに色付けしたUMAPプロット。(D) KAP発現の局在を示す空間転写産物ヒートマップ。(E) 細胞タイプ間のマーカー遺伝子発現を示すバイオリンプロット。(F) 細胞タイプ間の遺伝子発現パターンのヒートマップ。この統合型の解析環境は、空間マッピング、クラスタリング、次元削減、および組織領域や細胞集団のトランスクリプトームパターンの可視化を実現します。

まとめ

イルミナStrataMap Spatialは、広範な組織領域のシーケンススペースの全トランスクリプトーム空間プロファイリングを提供し、本来の組織の構造を保持したままの遺伝子発現解析を実現します。組織切片全体を1枚のスライド上でプロファイルし、細胞レベル解像度でマッピングすることで、遺伝子発現パターンを組織構造や構成に関連付けできます。

StrataMap Spatialの最大の特徴は、大型のキャプチャー領域、連続した1 μm の表面構造、およびポリ(A)ベースのRNAキャプチャーを統合したことであり、これにより細胞レベル解像度での高感度かつゲノムワイドな解析に対応します。StrataMap Spatialは、既定のパネルを使わずに、ゲノム全体の発現を捉え、解像度、カバレッジ、規模のトレードオフを排除することで、組織生物学のより完全な像を提供します。

イルミナのハイスループットシーケンスシステムを保有していれば、専用装置不要で本ワークフローを導入できるため、研究ワークフローに空間トランスクリプトミクスを日常的に統合することが可能です。

表1：StrataMap Spatialを用いた生物種を問わない空間トランスクリプトームプロファイリング

プロファイルした生物種の例 ^a	
ヒト	ブタ
マウス	マーモセット ^b
サル（アカゲ）	トウモロコシ ^b
サイ ^b	ショウジョウバエ ^b

a. 以上は代表例であり、対応する生物種または用途全てのリストではありません。

b. 生物種はアーリーアクセスコラボレーターによって検証されました。

詳細はこちら →

[Illumina StrataMap Spatial](#)

[Illumina Connected Multiomics](#)

参考文献

1. Rao A, Barkley D, França GS, Yanai I. [Exploring tissue architecture using spatial transcriptomics](#). 2021;596 *Nature* (7871):211-220. doi:10.1038/s41586-021-03634-9
2. Walker BL, Cang Z, Ren H, Bourgain-Chang E, Nie Q. [Deciphering tissue structure and function using spatial transcriptomics](#). *Commun Biol*. 2022;5(1):1-10. doi:10.1038/s42003-022-03175-5
3. Williams CG, Lee HJ, Asatsuma T, Vento-Tormo R, Haque A. [An introduction to spatial transcriptomics for biomedical research](#). *Genome Med*. 2022;14(1):68. doi:10.1186/s13073-022-01075-1
4. Chen TY, You L, Hardillo JAU, Chien MP. [Spatial transcriptomic technologies](#). *Cells*. 2023;12(16):2042. doi:10.3390/cells12162042
5. Marx V. [Method of the year: spatially resolved transcriptomics](#). *Nat Methods*. 2021;18(1):9-14. doi:10.1038/s41592-020-01033-y
6. Lim HJ, Wang Y, Buzdin A, Li X. [A practical guide for choosing an optimal spatial transcriptomics technology from seven major commercially available options](#). *BMC Genomics*. 2025;26(1):47. doi:10.1186/s12864-025-11235-3
7. Frankish A, Diekhans M, Jungreis I, et al. [GENCODE 2021](#). *Nucleic Acids Res*. 2021;49(D1):D916-D923. doi:10.1093/nar/gkaa1087
8. 10x Genomics. Visium Spatial. [10xgenomics.com/products/hd-wt-panel-gene-expression](#). Published 2026. Accessed May 11, 2026.
9. 10x Genomics. Xenium Tissue Preparation Guide. [10xgenomics.com/image/upload/v1757711458/support-documents/CG000578_Demonstrated_Protocol_XeniumInSituProtocolsFFPE_TissuePreparationHandbook_RevF.pdf](#). Published August, 2025. Accessed May 11, 2026
10. Bruker. CosMx Spatial Molecular Imager Grant Support Document. [brukerspatialbiology.com/wp-content/uploads/2021/10/FL-MK3934_SMI-Grant-Package_r16.pdf](#). Published August, 2025. Accessed May 11, 2026.
11. 10x Genomics. Atera In Situ. [10xgenomics.com/platforms/atera](#). Published 2026. Accessed May 11, 2026.

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illumina

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件 : jp.illumina.com/tc

© 2026 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。
商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

