

Illumina StrataMap™ Spatial

细胞级分辨率下的全转录组空间分析



使用单张玻片即可完成完整组织切片检测，无需限定分析区域



在细胞级分辨率下解析整个组织中的基因表达，无需预定义的 panel



与因美纳基因测序仪及分析工具集成，实现空间分析

引言

空间转录组技术可分析完整组织内的基因表达，揭示细胞与组织结构层面的生物学活动分布规律。该技术能够保留空间位置信息，将表达模式与位置相关联，助力在原生组织环境中直接研究细胞互作、组织结构和疾病生物学。这种分子信息与空间信息的结合支持组织图谱绘制、肿瘤微环境表征和细胞类型定位等应用。¹⁻³

空间技术扩展了在原位分析基因表达的能力；然而，许多方法仍需要在转录组覆盖度、空间分辨率和组织面积之间进行权衡。基于成像的方法可以实现高空间分辨率，但通常局限于预定义的基因 panel，限制了发现能力。此外，基于成像的方法需要使用昂贵、专业的仪器设备。基于测序的方法提供了更广泛、无偏倚的分析，但可能受到捕获区域或可扩展性的限制，并且通常需要在空间分辨率方面做出妥协。这些限制迫使研究人员在单次实验中需要在分辨率、覆盖度和检测规模之间做出取舍。⁴⁻⁶

Illumina StrataMap Spatial 通过下一代测序（NGS）实现了全转录组分析、细胞级分辨率映射和大面积组织分析（图 1）。现在可以在完整组织切片中检测基因表达，同时保留组织结构和空间组织，揭示当分辨率、转录组覆盖度或组织背景受限时可能被忽略的细胞组织和生物结构。

通过直接从组织中捕获全基因组范围的表达，StrataMap Spatial 支持无假设的空间发现，允许在单次实验中分析不同细胞群体和组织区域中的基因表达。

借助 StrataMap Spatial，空间基因表达分析与标准组织病理学技术和现有因美纳基因测序仪相集成。这使得实验室无需专用仪器设备即可扩展至空间转录组学领域，开启新的发现机会。

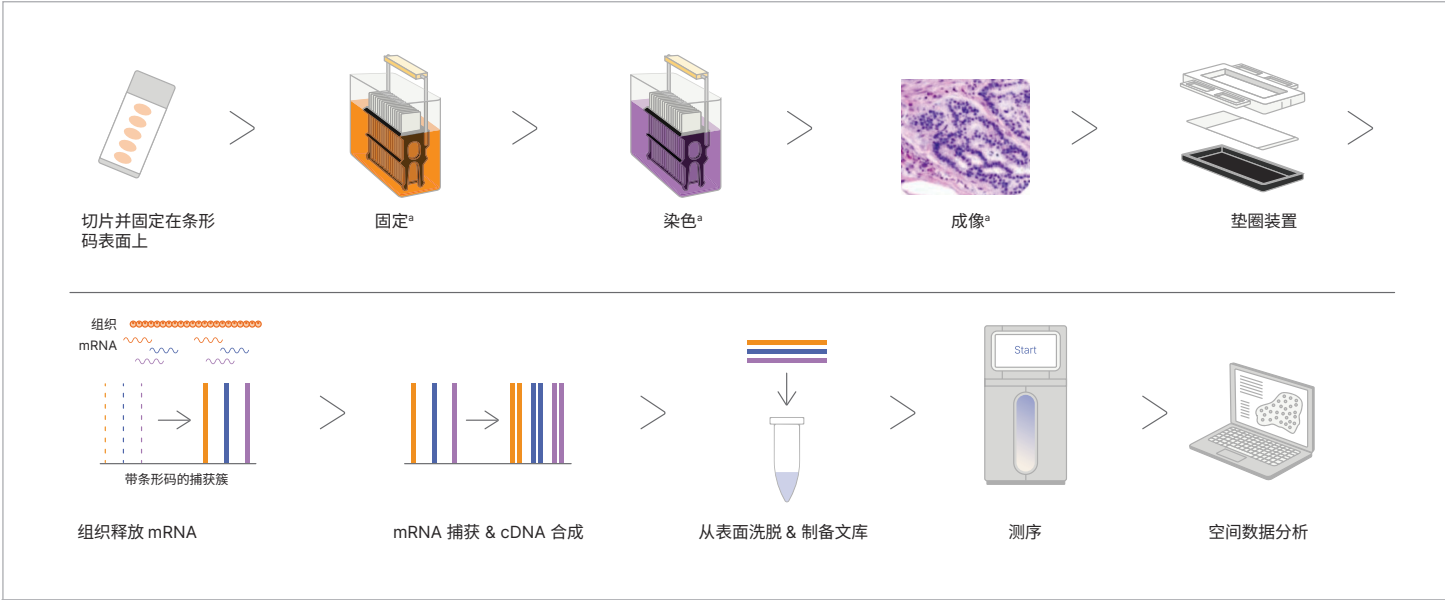


图 1：Illumina StrataMap Spatial 整合了从组织到分析的全转录组测序

新鲜冷冻组织切片经过组织学工作流程步骤，包括固定、染色和成像，以保持形态并建立空间参考。StrataMap Spatial 通过基于 poly(A) 的杂交在连续的 1 μm 表面特征上捕获 RNA，并生成可测序文库。使用 DRAGEN 空间转录组学流程处理测序数据，生成具有空间分辨率的基因表达矩阵，以便在 Illumina Connected Multiomics 中进行解读和可视化。

a. 需用户自行配备第三方设备（冷冻切片机 / 显微镜）及相关试剂。

空间转录组学与因美纳 NGS 的集成

StrataMap Spatial 在一个基于 NGS 的工作流程中结合了组织学、空间条形码和全转录组测序，从完整组织切片生成具有空间分辨率的基因表达数据（图 1）。该工作流程与标准组织学流程相集成，允许纳入现有实验室规范。该工作流程还与现有高通量因美纳基因测序仪以及因美纳数据分析和可视化工具相集成，使得无需专用空间仪器设备即可采用。

步骤 1：组织制备与成像

- 新鲜冷冻组织经冰冻切片后，贴附于带有条形码的捕获表面上，该表面可容纳完整组织切片或多个切片或样本
- 对组织进行固定、染色和成像，以保持形态特征并建立空间参考

步骤 2：RNA 捕获与文库制备

- 组织经透化处理以释放 RNA，同时保持空间结构
- 基于 Poly (A) 捕获的技术，能够在连续 1 μm 的表面结构上，将 RNA 与携带空间条形码的寡核苷酸进行杂交
- 生成带有空间索引的 cDNA，将转录本与特定组织位置相连接
- 使用标准工作流程回收 cDNA 并制备成可测序文库

步骤 3：在因美纳基因测序仪上测序

- 在因美纳高通量基因测序仪（例如 NovaSeq™ 或 NextSeq™ 测序系统）上对文库进行测序
- 根据组织复杂性和研究设计调整测序深度

步骤 4：数据分析

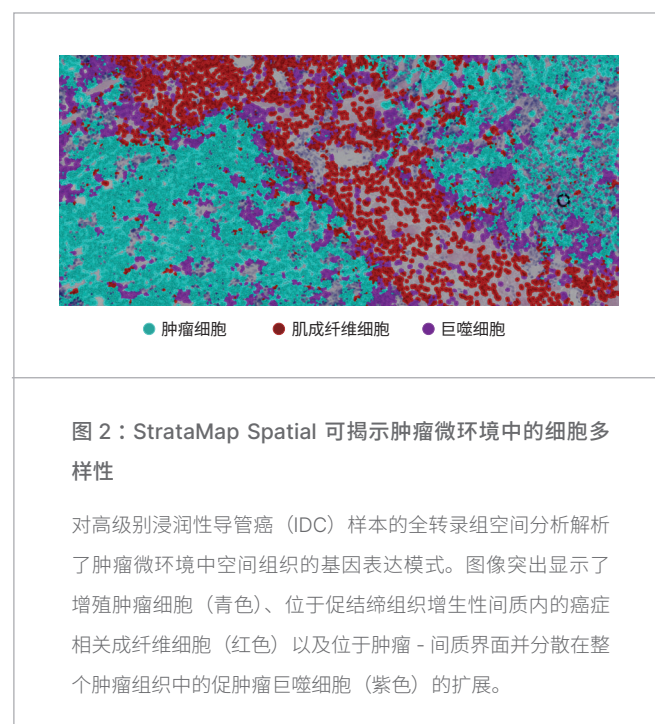
- 使用 DRAGEN™ 空间转录组学分析流程处理测序数据，生成具有空间分辨率的基因表达矩阵
- 在 Illumina Connected Multiomics 中使用聚类、细胞类型鉴定、组织背景下基因表达探索等工具对数据进行解读和可视化

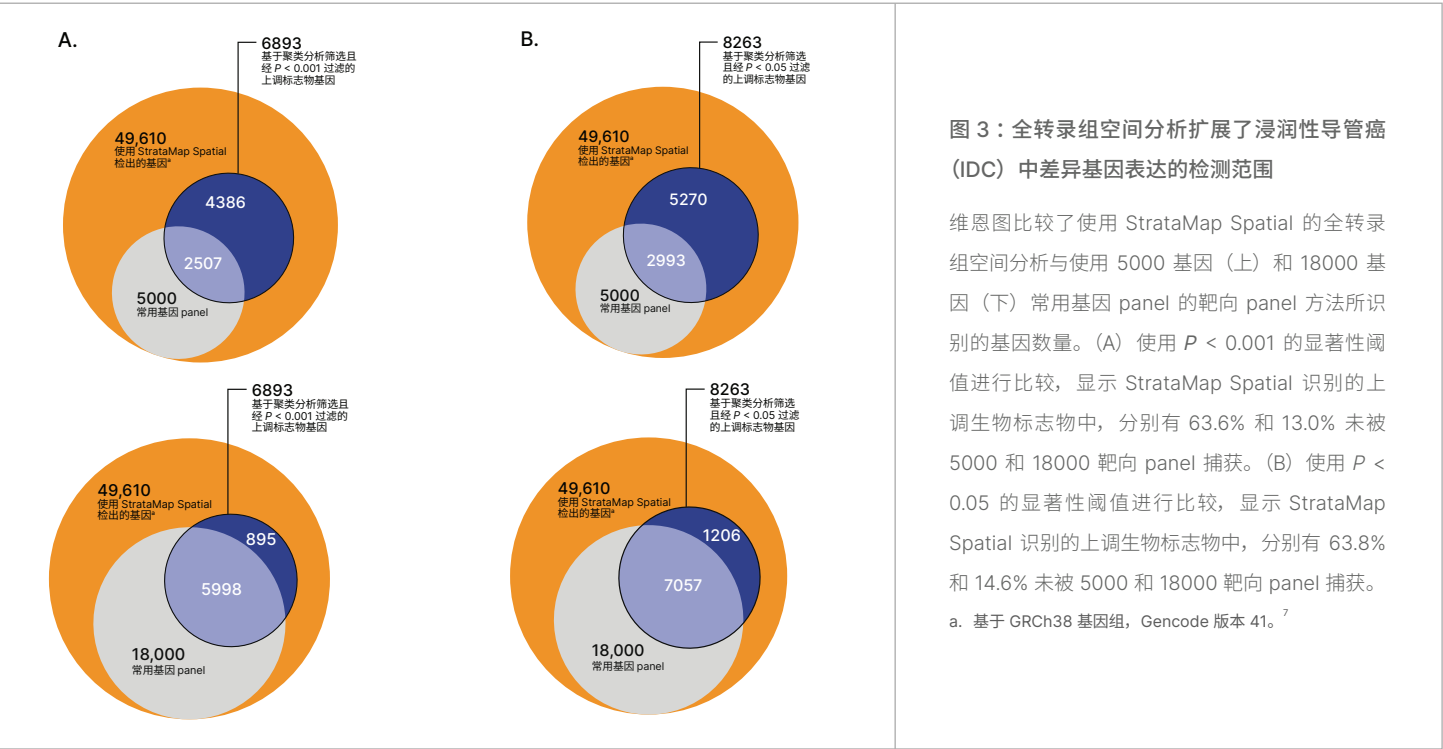
全转录组分析，实现无偏发现

无偏的空间基因表达分析需要获取全转录组，而非预定义的基因集合。StrataMap Spatial 采用基于测序的 poly (A) RNA 捕获技术，直接从组织中进行全基因组范围的转录本检测，支持在不同生物学背景下的发现驱动型分析。

全转录组空间分析能够在复杂的组织环境中对细胞组织和生物相互作用进行表征。在高级别浸润性导管癌（IDC）组织中，StrataMap Spatial 解析了与增殖肿瘤细胞、基质成纤维细胞和巨噬细胞群体相关的不同表达模式（图 2）。

与基于探针的靶向 panel 方法相比，全转录组空间分析提供了更广泛的差异基因表达检测，而不会将分析限制在预定义的靶标上。在 IDC 组织中，StrataMap Spatial 识别出了常用 5000 基因和 18000 基因 panel 未能捕获的差异表达生物标志物，为无偏且全面的发现提供了更多机会（图 3）。





高分辨率映射，实现细胞表征

在 StrataMap Spatial 中, 通过连续的 1 μm 表面特征实现了细胞级分辨率的空间映射, 这些特征保留了空间细节, 无需在较大区域内进行信号汇总。该分辨率反映了捕获表面架构、空间编码转录本捕获和计算分析的集成。玻片表面的基准标记确保了组织学图像与测序衍生空间数据的准确对齐, 从而实现组织形态和基因表达的精确配准。分析流程中的集成细胞分割进一步细化了空间分配, 使基因表达能够在细胞级分辨率下进行定位。

凭借其高空间分辨率, StrataMap Spatial 能够在同一组织切片中同时显示有序的细胞群和局部化的基因表达模式, 如导管原位癌 (DCIS) 组织所示 (图 4)。细胞类型分类和转录本水平的热图有助于解读复杂组织区域中的细胞组成和空间组织。这种空间细节水平能够解析相邻细胞群体之间的边界, 并捕获当信号在较大区域内平均化时可能被掩盖的局部表达模式。

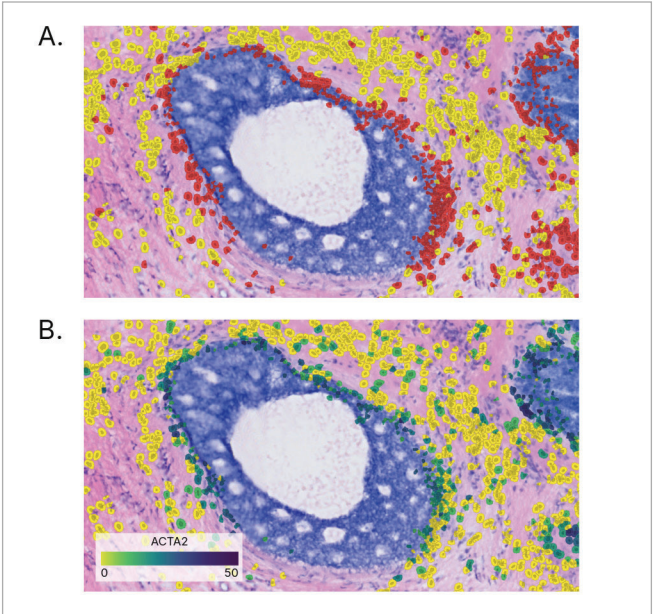


图 4：细胞级分辨率空间作图揭示了细胞群体和局部基因表达

导管原位癌 (DCIS) 组织中的图像显示了以细胞级分辨率定位的局部基因表达模式。(A) 细胞类型可视化结果显示了正常间质中成纤维细胞 (黄色) 和肿瘤 - 间质界面处肌成纤维细胞 (红色) 的空间分布。(B) 同一组织切片上肌成纤维细胞生物标志物 ACTA2 的空间表达情况。

高灵敏度的转录本检测

使用 StrataMap Spatial 对跨越 DCIS、分级 I IDC 以及分级 II 和分级 III IDC 的乳腺癌组织样本进行空间转录组分析，结果显示在不同复杂程度的组织中均可一致地检测到转录本（图 5）。组织学图像与空间表达热图相结合，将组织形态与不同疾病状态和级别下的基因表达模式联系起来。定量分析显示，随着测序深度的增加，每个细胞检测到的独特分子和基因数量也在增加（图 6）。在所有组织类型和级别中，基因和分子的检测与测序深度呈可预测的比例关系，表明在不同细胞组成和 RNA 含量的组织中均能实现高效捕获和一致的性能。这种灵敏度支持检测高表达和低表达的转录本，同时解析复杂组织环境中的异质性细胞群体。

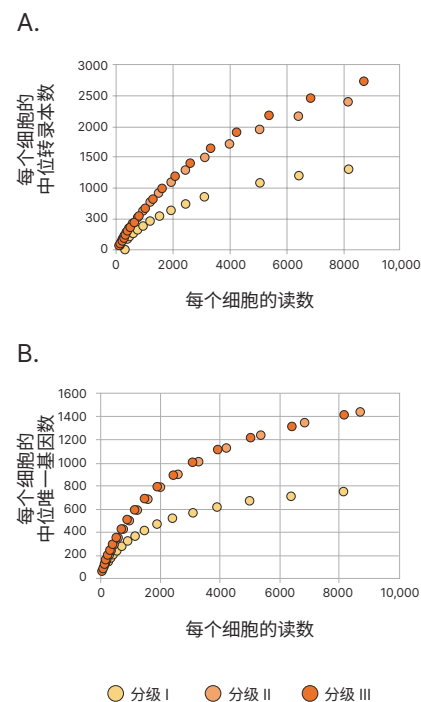


图 6：跨测序深度的一致转录本检测

在跨越分级 I-III 的导管原位癌 (DCIS) 样本中，每个细胞检测到的独特分子和基因数量随测序深度增加而增加，表明在不同组织状态下均具有稳健且一致的转录本检测性能。

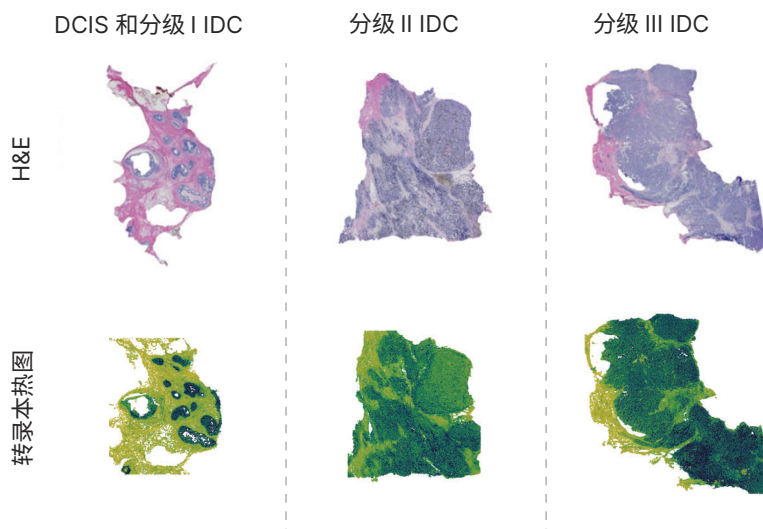


图 5：跨乳腺癌组织状态的灵敏转录本检测

对乳腺癌组织样本（包括导管原位癌 (DCIS)、分级 I 浸润性导管癌 (IDC) 以及分级 II 和分级 III IDC) 进行的空间转录组分析显示，在不同组织状态下均可实现一致的转录本检测。苏木精和伊红 (H&E) 染色的组织学图像与空间基因表达图像对齐，展示了不同疾病状态和级别下组织形态与空间基因表达模式之间的一致性。

大面积捕获区域，支持完整组织分析

StrataMap Spatial 使用 750 mm² 的捕获区域，可在一张玻片上容纳完整组织切片以及多个切片或样本。例如，可以将多个小鼠心脏组织切片放置在捕获区域内，从而在所有组织切片上进行空间转录组分析，同时保留空间背景（图 7）。

由于空间基因表达模式在大的组织区域内得以保持，因此可以在单次实验中分析细胞异质性和区域变异。扩大的捕获区域增加了实验灵活性，适用于需要高样本通量或广泛组织覆盖的研究，包括大规模组织图谱绘制和空间重建工作流程。

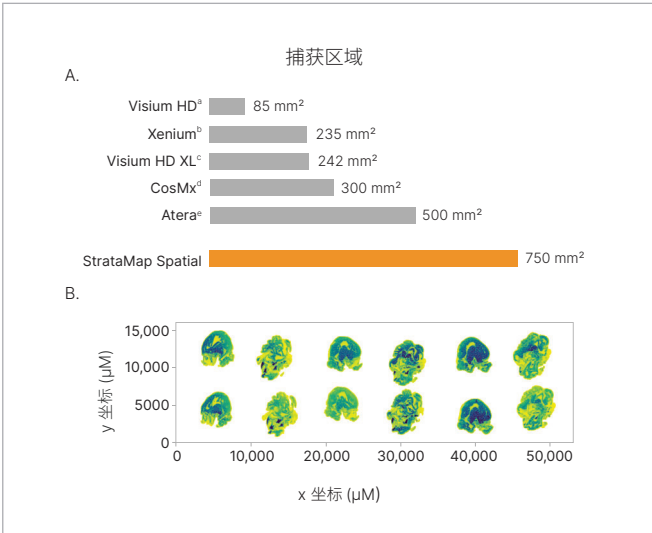


图 7：大尺寸空间捕获支持多样本和完整组织分析

StrataMap Spatial 提供 750 mm² 的捕获区域，用于大尺寸空间分析，提供更广泛的组织覆盖，减少组织选择的需求。(A) 不同空间转录组平台的空间捕获面积比较。(B) 未孕和怀孕小鼠心脏组织切片之间的转录变化。从左到右，组织切片在未孕和怀孕小鼠之间交替；底部和顶部行代表重复。

- a. 基于 6.5 × 6.5 mm 的捕获面积，每张玻片 2 个。⁸
- b. 可用样本定位面积为 235 mm²。⁹
- c. 基于 11 × 11 mm 的捕获面积，每张玻片 2 个。⁸
- d. 每张玻片灵活扫描面积高达 300 mm²。¹⁰
- e. 每张玻片的可成像面积。¹¹

集成分析，助力细胞状态鉴定

解读空间转录组数据需要在统一的分析环境中整合基因表达、空间背景和细胞类型鉴定。Illumina Connected Multiomics 提供了一个基于云的平台，用于空间数据的整合、可视化和解读，将测序输出与具有生物学意义的见解联系起来。

Illumina Connected Multiomics 支持在同一组织切片内比较空间区域、细胞类型注释和转录模式（图 8）。可以通过关联的分析视图（包括聚类、降维和空间转录本映射）来探索组织结构、细胞群体和基因表达之间的关系。

Illumina Connected Multiomics 的主要功能包括：

- 整合空间数据集进行联合分析
- 聚类和细胞类型鉴定
- 组织背景下的基因表达可视化

交互式图形用户界面允许直接探索空间转录组数据，减少了对专业生物信息学工作流程的依赖。这种集成方法简化了复杂数据集的解读，无需使用多种工具或定制流程。

适用于多种应用且不依赖物种的工作流程

通过使用基于 poly (A) 的捕获，StrataMap Spatial 直接检测组织中的转录本，无需依赖物种特异性探针。这种方法能够对多种真核物种进行空间基因表达分析，而无需重新设计检测方法或使用预定义的探针组合。

StrataMap Spatial 捕获来自模式生物和非模式生物多种样本类型的基因表达（表 1），支持从比较生物学到异种移植研究等各种应用。这种广泛的物种兼容性消除了定制探针设计或将分析局限于已有探针 panel 物种的需求，将空间转录组学扩展到常用研究物种之外。

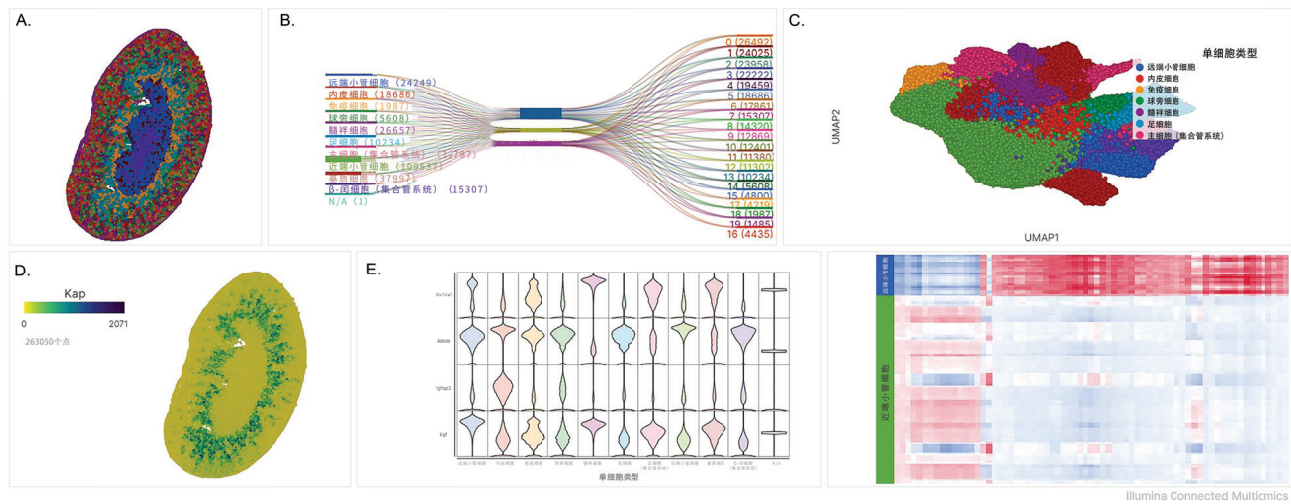


图 8：Illumina Connected Multiomics 支持集成的空间可视化和转录组分析

小鼠肾脏样本在 Illumina Connected Multiomics 中生成的空间分析结果。(A) 整个组织切片的空间区域。(B) 桑基图显示细胞类型注释、手动标注的组织区域和空间区域之间的关系。(C) 按细胞类型着色的 UMAP 图。(D) 显示 KAP 表达定位的空间转录本热图。(E) 显示不同细胞类型标志基因表达的小提琴图。(F) 不同细胞类型基因表达模式的热图。该集成分析环境支持跨组织区域和细胞群体的空间映射、聚类、降维和转录组模式的可视化。

表 1：使用 StrataMap Spatial 进行不依赖物种的空间转录组分析

已分析的示例生物体 ^a	
人	猪
小鼠	狨猴 ^b
猴（恒河猴）	玉米 ^b
犀牛 ^b	果蝇 ^b

a. 所示示例仅为代表性案例，并不构成支持物种或应用的完整列表。
b. 这些生物体已由早期试用合作者进行了测试。

总结

Illumina StrataMap Spatial 提供了基于测序的全转录组空间分析，覆盖大组织区域，允许在完整组织结构中检测基因表达。可以在单张玻片上分析完整组织切片，通过细胞级分辨率映射将表达模式与组织结构和组织联系起来。

StrataMap Spatial 的核心是整合了大面积捕获区域、连续的 1 μm 表面特征和基于 poly (A) 的 RNA 捕获，以支持在细胞级分辨率下进行灵敏的全基因组分析。通过捕获全基因组表达而无需预定义的 panel，并消除分辨率、覆盖度和规模之间的权衡，StrataMap Spatial 提供了更全面的组织生物学视图。

拥有现有高通量因美纳基因测序仪的实验室无需专用仪器设备即可采用该工作流程，支持将空间转录组学常规整合到研究工作流程中。

了解更多信息→

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.

我们随时为您解答问题，提供信息和咨询服务。请访问我们的网站：www.illumina.com.cn。

因美纳中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279

北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855

技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com

市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2026 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。关于具体的商标信息，请访问 www.illumina.com.cn/company/legal.html。



因美纳企业动态



因美纳市场助手



因美纳官方商城

illumina[®]