

时空组学
STOmics

STOmics

时空组学产品方案手册

高分辨

大视野

多组学

全物种

2025年3月版



**生命科学全景
时代来临**

STOmics

目录

Contents

时空组学技术 Stereo-seq 介绍

01. 技术背景	02
02. 技术原理	04
03. 技术优势	05

时空组学产品方案

01. 时空转录组 FF 产品方案	08
02. 时空转录组 FFPE 产品方案	12
03. 时空转录组大尺寸芯片解决方案	15
04. 时空蛋白转录组 Stereo-CITE 产品方案	17
05. 生信分析工具	19

产品应用	25
参考文献	26

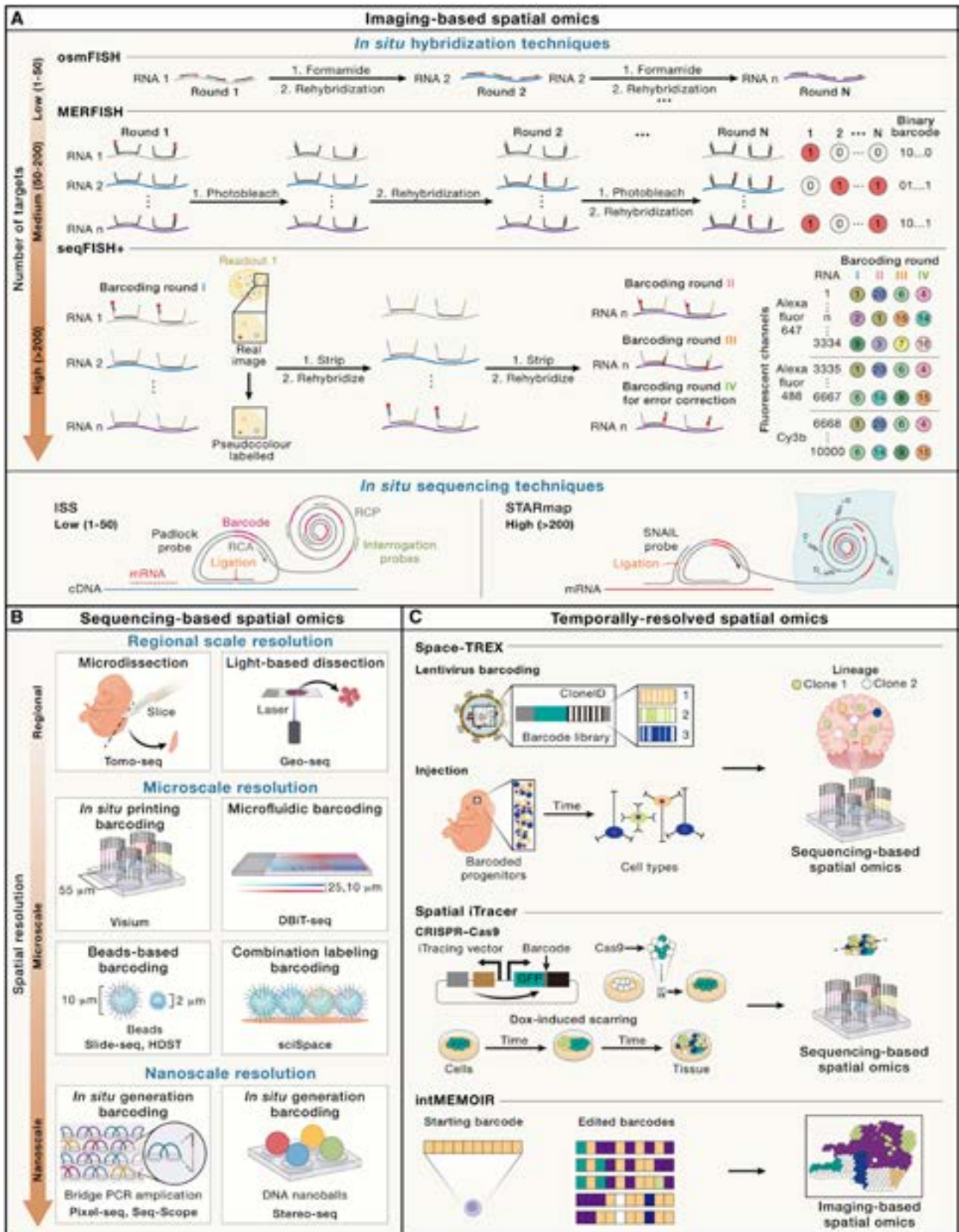
时空组学技术 Stereo-seq 介绍

01 技术背景

测序技术的进步,尤其是高通量测序技术的出现,使大规模的多组学解析成为可能。这些方法可以分析组织水平上的遗传信息表达调控异质性,但无法完全揭示组织内不同细胞类型的异质性。而细胞组学技术的快速发展则解决了这个问题。细胞组学能够精确分析单个细胞内的遗传信息,在多个维度上定义细胞类型和状态,成为解码基因组信息如何转录并转化为特定细胞类型信息的关键技术手段。

然而,细胞组学缺乏位置信息。传统的成像方法如 X 射线、计算机断层扫描 (CT) 和磁共振成像 (MRI) 可以可视化组织和器官的 3D 结构,但缺乏分子和细胞分辨率。免疫组化 (IHC) 或原位杂交 (ISH) 包含特定基因或蛋白质的空间定位,但通量有限只能检测有限数量的目标。空间转录组技术的出现,使我们能够全面解析细胞组成、定位、细胞间相互作用和细胞微环境的时空动态。从功能角度看,这些变量对于理解发育过程中的形态发生、不同器官的结构及其随后的功能变化,以及与疾病过程相关的细胞微环境变化至关重要。

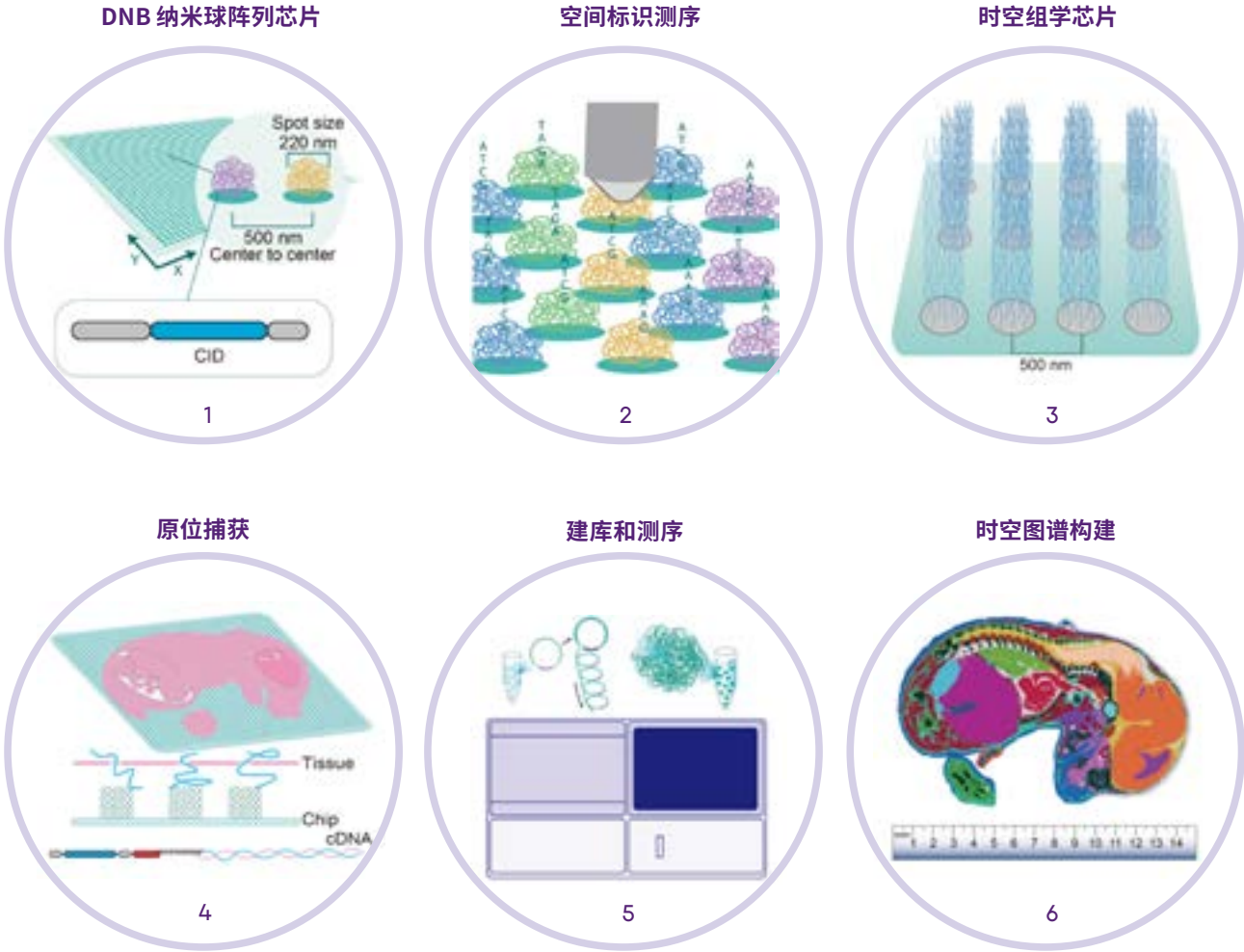
空间转录组技术种类虽然较多,但总体可以分成两大类,即基于成像的方法和基于测序的方法。基于原位成像的方法,如荧光原位杂交 (FISH) 和原位测序 (ISS),使得科学家能够在细胞内直接观察到 RNA 和 DNA 的分布。早期的技术,例如 smFISH,已经能够实现对单个 RNA 分子的高分辨率成像。随着技术的发展,现代空间转录组技术如 MERFISH 和 seqFISH,可以在单个细胞中同时检测到成千上万个基因的表达。相比而言,基于测序的空间转录组技术能够进行全基因组范围的分析。早期的 Tomo-seq 和 Geo-Seq 通过物理空间标记实现了最初的全基因组空间定位分析,随着高通量标签方法的出现,空间转录组技术从早期的 ST/Visium、DBiT-seq、Slide-seq 等微米级分辨率技术,进一步发展成为 Stereo-seq、Seq-scope 和 Pixel-seq 等纳米级分辨率技术。

空间转录组技术概览^[1]

02 技术原理

华大自主研发的时空组学技术 Stereo-seq 是具有“纳米级分辨率、厘米级全景视场”的原位捕获空间全转录组测序技术，可以实现对同一样本在组织、细胞、亚细胞、分子“四尺度”同时进行空间转录组分析。该技术通过 Stereo-seq 芯片 (Stereo-seq Chip) 捕获组织中的 RNA，并通过空间条形码 (Coordinate ID, CID) 还原回空间位置，实现组织空间检测。

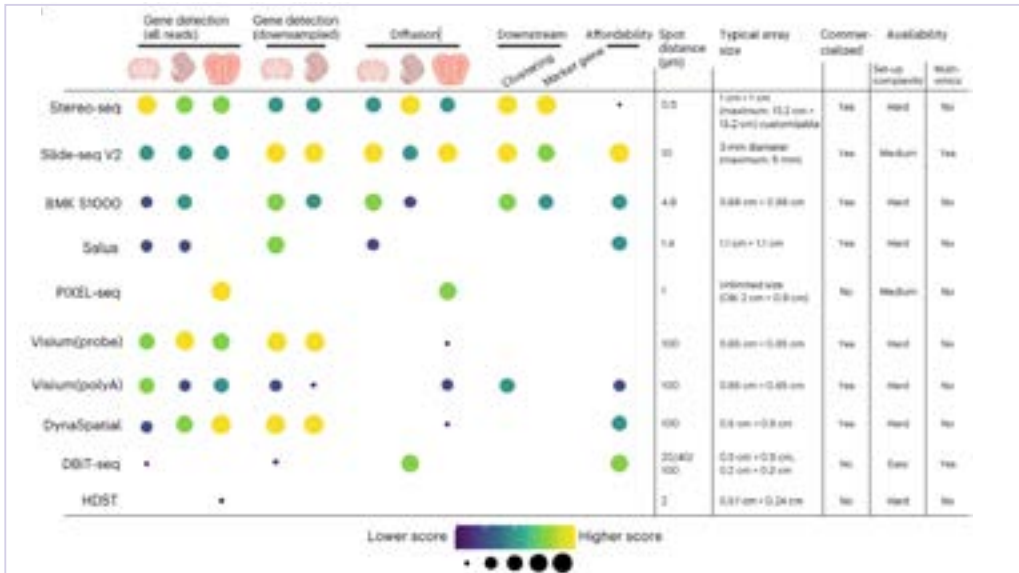
Stereo-seq 芯片上布满了数十亿规则阵列排布的单链线球状 DNA 纳米球 (DNA NanoBall, DNB)。DNB 是以单链环状 DNA 为模板、经过滚环扩增 (Rolling-Circle Replication, RCR) 后得到的产物，每个 DNB 直径为 220 nm，两个 DNB 中心点间距范围为 500 nm。通过 DNBSEQ 技术对固定在芯片上的 DNB 进行测序，得到 Coordinate ID (CID) 信息，CID 和 DNB 坐标位置一一对应，可以通过建立 CID 与坐标位置的映射关系，还原后续捕获到的 mRNA 的空间位置。对照关系保存在时空芯片 CID- 坐标位置对照文件中 (Stereo-seq Chip Mask 文件)。



Stereo-seq 技术原理 [2]

03 技术优势

作为国际领先的空间转录组技术，Stereo-seq 具备“纳米级分辨率”和“厘米级全景视场”的突破性优势，同时实现了多组学联合分析和全物种应用。

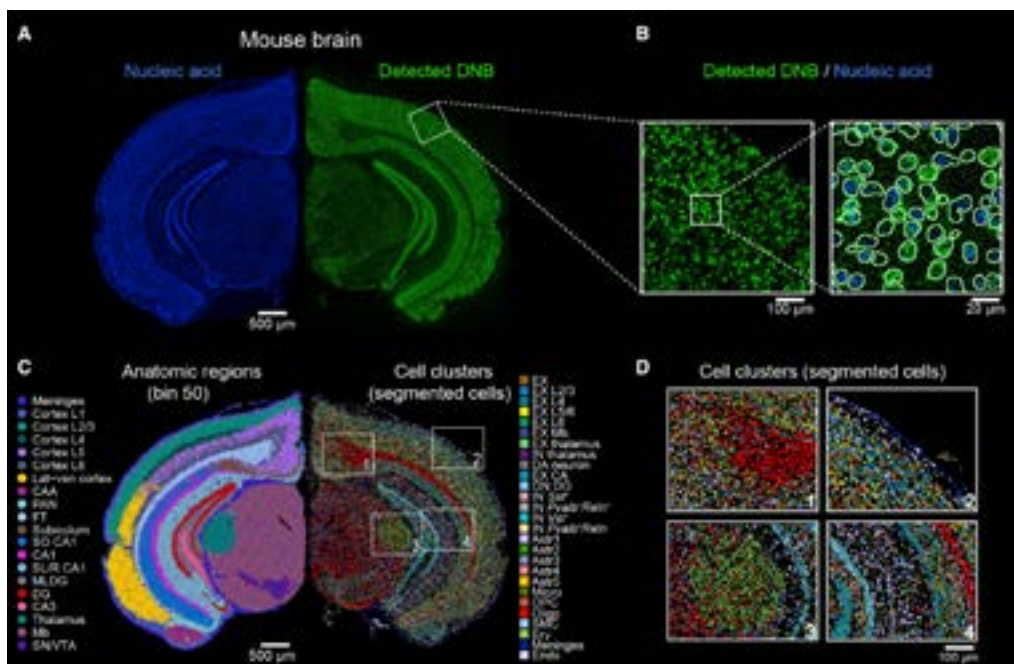


sST 方法的结果与特性比较结果 [3]

* sST 方法根据其在特定类别中的性能进行了排名，最佳方法位于顶部。分辨率低于 20 µm 的方法更受青睐。排名通过颜色和斑点大小在左侧面板中直观展示，而右侧面板则概述了这些方法的基本特征。可负担性较低的方法表示价格较高。CM, 角膜间质; pNR, 推测神经视网膜; LV, 晶状体囊; OB, 嗅球。

● 高分辨

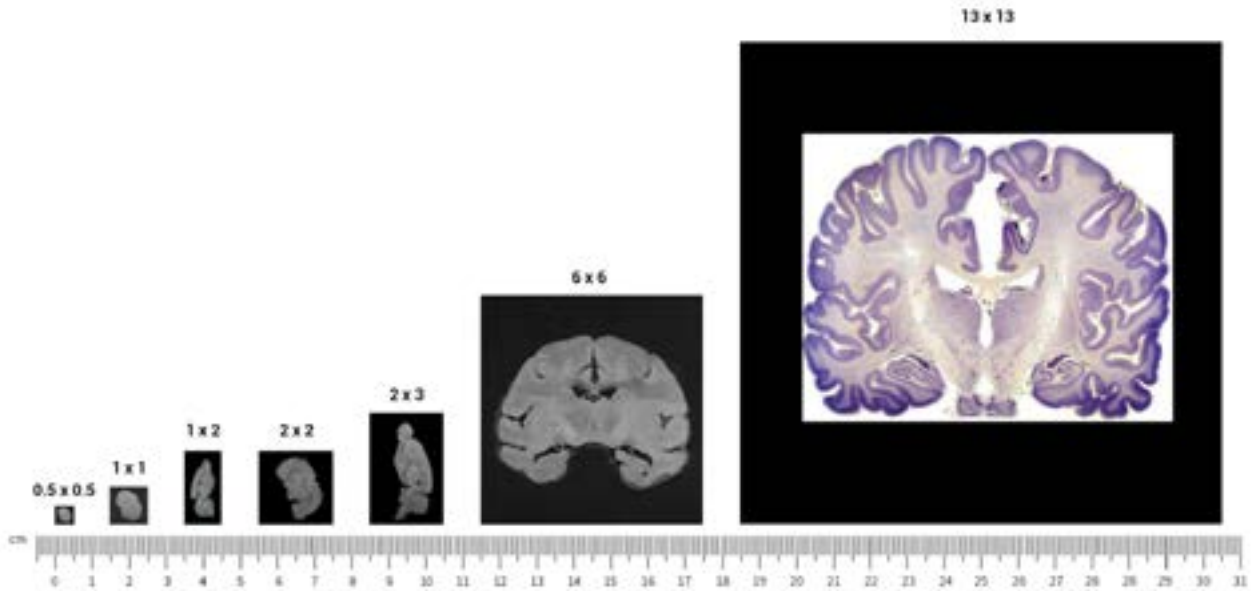
Stereo-seq 技术将认识生命空间表达的分辨率提高到 500 nm 的亚细胞层级；可以通过图像识别细胞核位置，并结合算法实现单个细胞及分子信息的空间定位和检测；也可通过 binning 的方式，识别组织中的不同功能区域。



Stereo-seq 技术以单细胞分辨率解析成年小鼠大脑 [2]

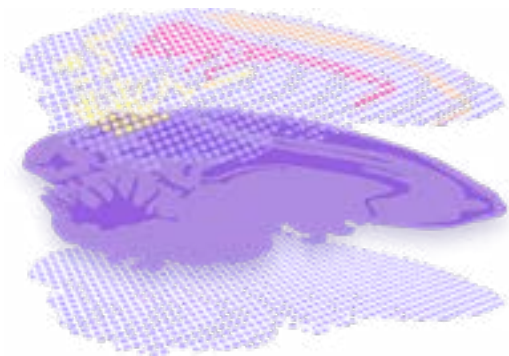
● 大视野

华大时空现已推出芯片尺寸为 $0.5\text{ cm} \times 0.5\text{ cm}$ 、 $1\text{ cm} \times 1\text{ cm}$ 、 $1\text{ cm} \times 2\text{ cm}$ 、 $2\text{ cm} \times 2\text{ cm}$ 和 $2\text{ cm} \times 3\text{ cm}$ 的标准试剂盒产品，同时还可根据实际需求开展定制化合作 ($> 1\text{ cm} \times 1\text{ cm}$)。在兼容现有时空技术流程的基础上，多尺寸时空芯片能精准匹配目标组织器官大小，极大地提升捕获面积利用率。



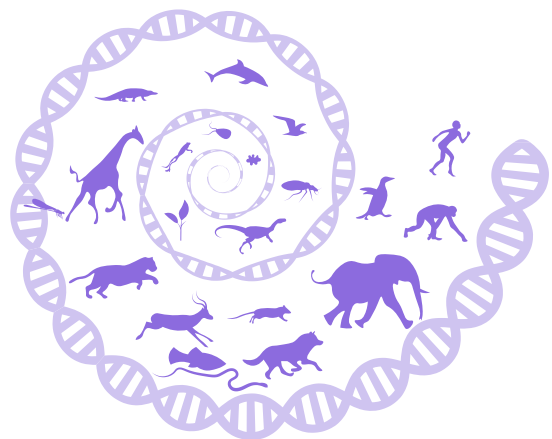
● 多组学

Stereo-seq 多组学产品方案可实现转录组与蛋白组的同片共检测，从空间维度实现表型→机制的全面揭示。



● 全物种

Stereo-seq 技术可广泛应用于人、动物、植物及微生物，目前已经完成了 50 余种物种的组织器官研究。



时空组学产品方案

华大时空致力于创建强大、稳定且易于使用的端到端时空组学产品解决方案，助力研究人员以超高分辨率对组织样本的全转录组数据进行空间分析，进而深入探索发育、再生、演化、疾病等过程的时空特异性，应对生命科学领域面临的挑战。



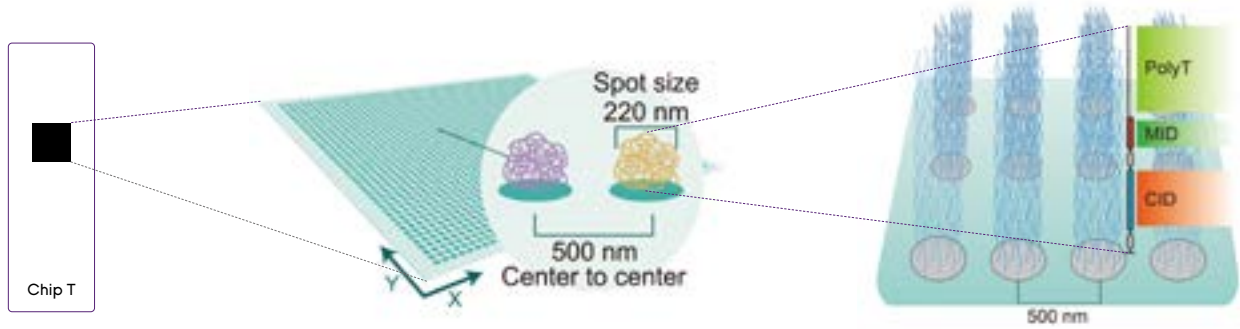
时空组学产品矩阵

	时空转录组 FF	时空转录组 FFPE	时空转录组大尺寸芯片	时空蛋白转录组 Stereo-CITE
产品方案				
方案简介	以单细胞级分辨率水平分析空间转录组信息，精细解析基因表达空间特征	利用随机探针原位捕获 FFPE 样本的 RNA，实现全物种转录组空间表达图谱构建	不影响转录组捕获效率的前提下，单次实验检测面积最大可达 13 cm × 13 cm	在同一张组织切片实现转录组和 100+ 重蛋白原位无偏共检测
捕获原理	Poly A 捕获	随机探针捕获	Poly A 捕获	Poly A 捕获
染色方案	ssDNA 染色 / H&E 染色 / mIF 染色 (适用于 1 cm × 1 cm)	ssDNA 染色 / H&E 染色	ssDNA 染色 / H&E 染色	DAPI 染色
检测信息	RNA	RNA	RNA	RNA+ 蛋白
物种兼容性	不限物种	不限物种	不限物种	人和小鼠
组织兼容性	新鲜冷冻样本	石蜡包埋样本	新鲜冷冻样本	新鲜冷冻样本
透化摸索	需要	不需要	需要	需要
捕获面积	1 cm × 1 cm 0.5 cm × 0.5 cm	1 cm × 1 cm	1 cm × 2 cm, 2 cm × 2 cm, 2 cm × 3 cm, 定制尺寸, 最大到 13 cm × 13 cm	1 cm × 1 cm
拓展应用	<ul style="list-style-type: none"> • 转录组兼容组织形态学 • 转录组兼容低通量蛋白检测 • 空间单细胞分析 	<ul style="list-style-type: none"> • 转录组兼容组织形态学 • 微生物共检测 • 非编码 RNA 共捕获 • 空间单细胞分析 	<ul style="list-style-type: none"> • 支持定制化 • 空间单细胞分析 	<ul style="list-style-type: none"> • 转录组兼容高通量蛋白检测 • 支持自偶联抗体实现个性化蛋白检测

01 时空转录组 FF 产品方案

1.1 产品介绍

时空转录组 FF 产品方案是同时以“纳米级分辨率”和“厘米级全景视场”实现“组织到数据”的整体解决方案，适用于新鲜冰冻 (Fresh Frozen, FF) 样本。

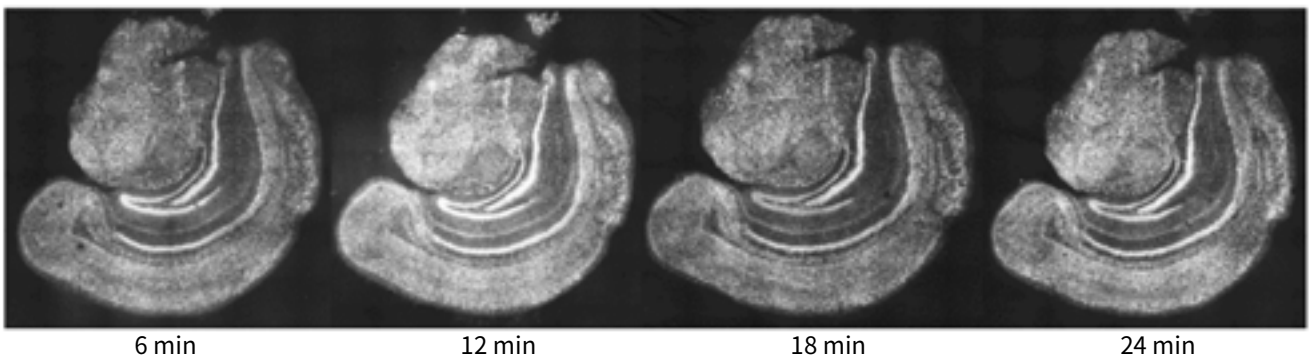


• Stereo-seq 透化试剂套装 - 透化时间摸索

Stereo-seq 透化试剂套装是用于摸索组织切片最佳透化时间的预实验试剂套装。Stereo-seq 芯片 P (透化测试芯片) 上载有核苷酸捕获探针，与组织切片结合后通过探针原位抓取组织内的 mRNA 分子，再利用带有荧光标记的核苷酸进行 cDNA 合成。研究人员通过荧光显微成像可以快速判断特定组织的最佳透化时间，更有利于 mRNA 的捕获。



在组织移除干净且保持相同成像条件 (包括亮度和曝光等条件) 的情况下，以组织形态完整、荧光值最强且无弥散为最佳透化时间的判断标准。



* 透化 6 min 时，组织呈现同一皮层亮度不均匀的情况，说明透化不充分；透化 12 min 时，细节清晰，信号均匀，亮度最大；透化 24 min 时的信号弱于透化 12 min 的信号；因此，最佳的透化时间是 12 min。

• Stereo-seq 转录组试剂套装 - 时空文库构建

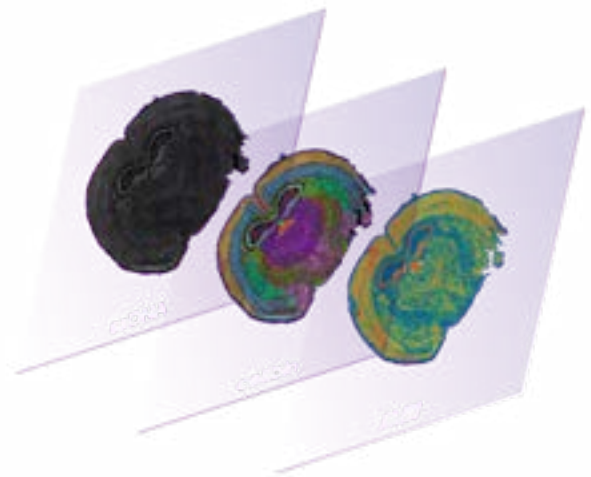
Stereo-seq 转录组试剂套装是用于构建组织切片全转录本 3' 端文库的试剂套装。Stereo-seq 芯片 T (时空 Poly-T 芯片) 上载有具有空间坐标信息的捕获探针, 与组织切片结合后通过探针原位抓取组织内的 mRNA 分子并进行 cDNA 合成。研究人员通过 DNBSEQ 测序和配套的可视化分析工具, 可获取特定样本超高分辨率下的空间转录组信息, 利用同一试剂盒套装, 可根据研究需求选择同一张组织切片上进行细胞核染色或 H&E 染色, 结合强大的分析工具, 以单细胞级分辨率灵活开展多模态数据分析。



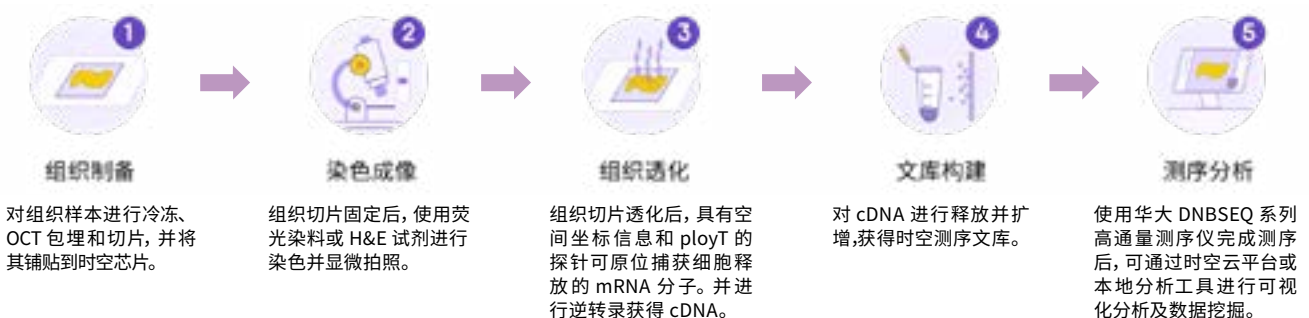
1.2 产品优势

为更好提升产品性能以及用户使用友好性, 我们针对现有版本进行了全面升级。在保持 Stereo-seq 高检测分辨率的基础上, 时空转录组 FF 产品方案 (V1.3) 能够捕获到更多的基因, 拥有更快速便捷的工作流程, 其整体性能更优越。结合全新升级的数据分析工具, 帮助研究人员轻松获取高质量的单细胞分辨率生物数据, 从而助力深入探索和揭示细胞基因表达的奥秘。

- ☑ 捕获基因数显著提升
- ☑ 轻松实现 CellBin 分析
- ☑ 同套试剂盒支持同片细胞核 /H&E 染色
- ☑ 工作流程更快速便捷
- ☑ 分析工具强大且易用

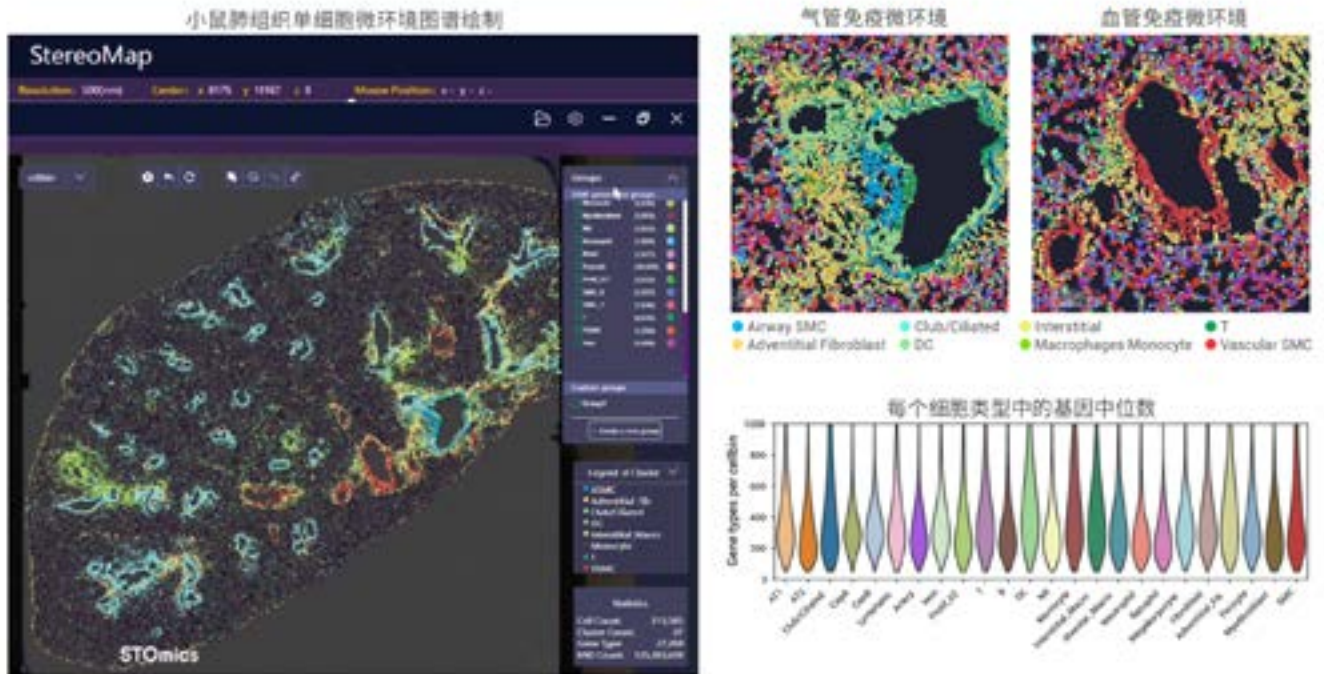


1.3 技术流程



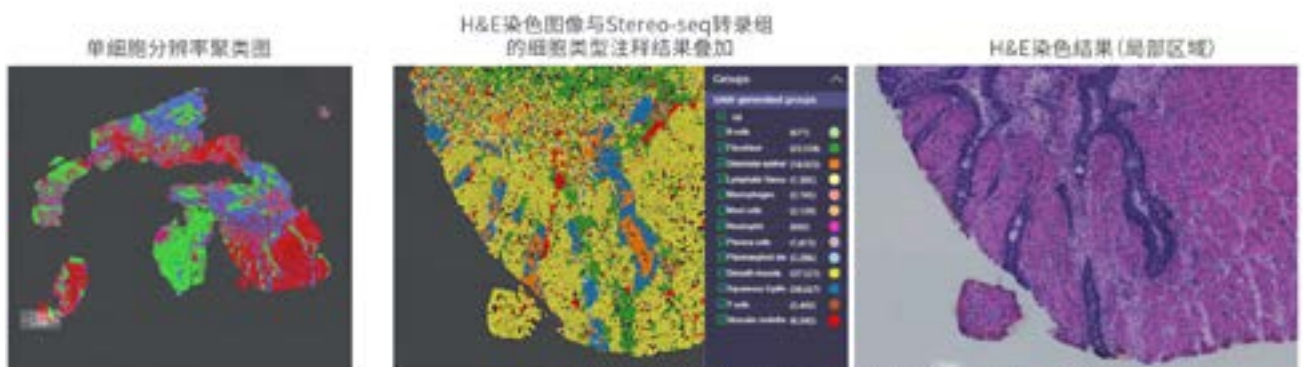
1.4 示例展示

- 利用 CellBin 分析，精准解析小鼠肺组织免疫微环境，并鉴定出免疫微环境中的主要细胞类型。各细胞类型中基因检测数差异不大，包括免疫细胞，以探索微环境中免疫细胞的相互作用及机制。

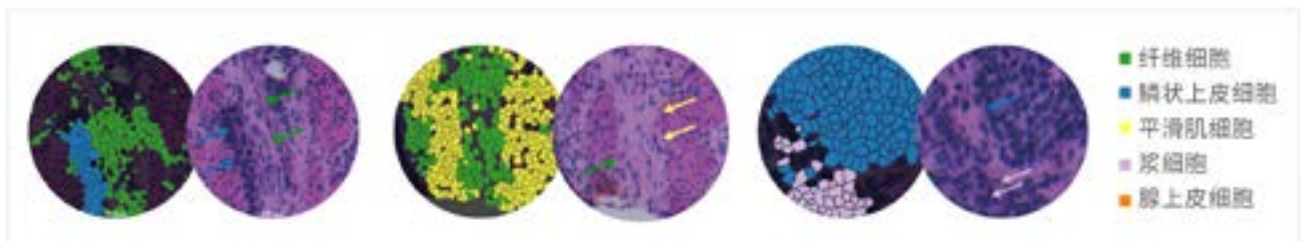


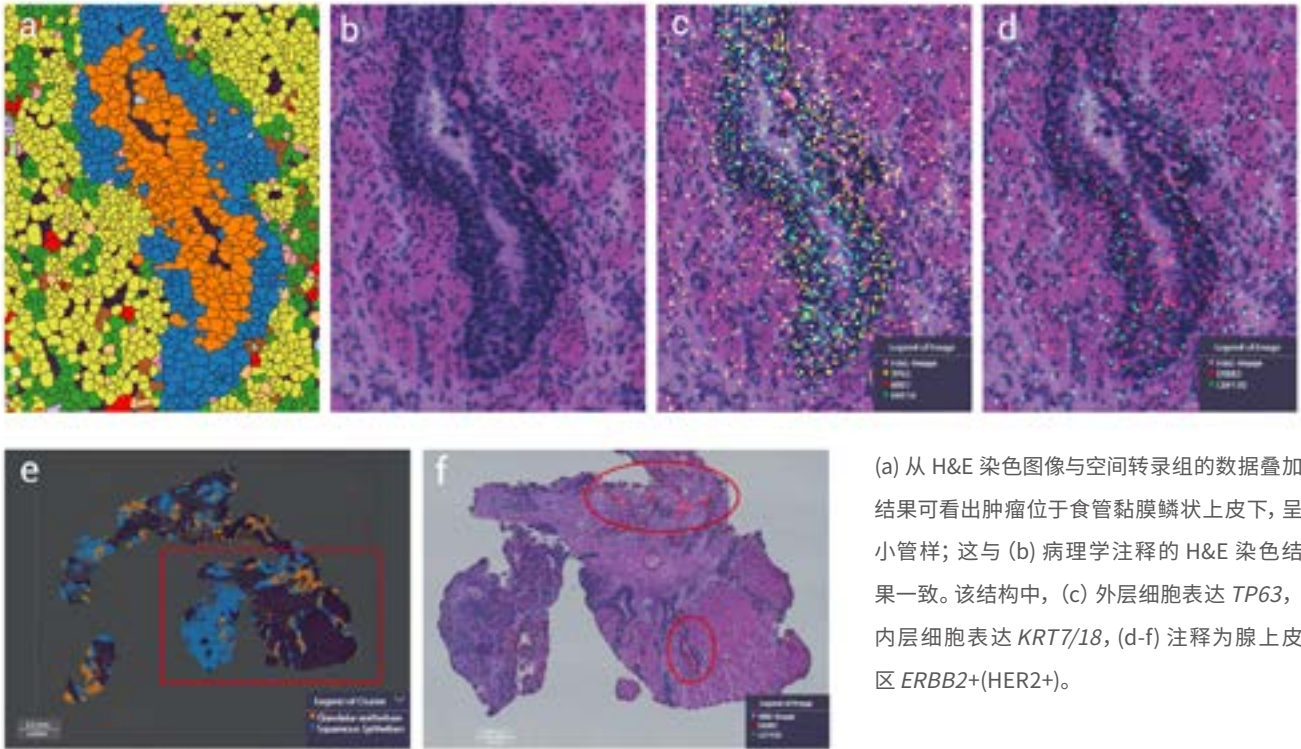
*未发表研究数据，不可引用

- 基于 H&E 提供的组织学信息，深入探究伴导管分化食管癌的空间分子特征，并精准定位细胞类型空间分布。病理诊断为食管溃疡性低分化鳞形细胞癌，空间转录组学结果提示存在伴导管分化腺鳞癌的可能性，这一发现可能会为伴导管分化食管癌的病因学研究及诊断治疗提供新的研究思路。



精准绘制食管癌组织癌症区域结构中细胞类型的空间排布





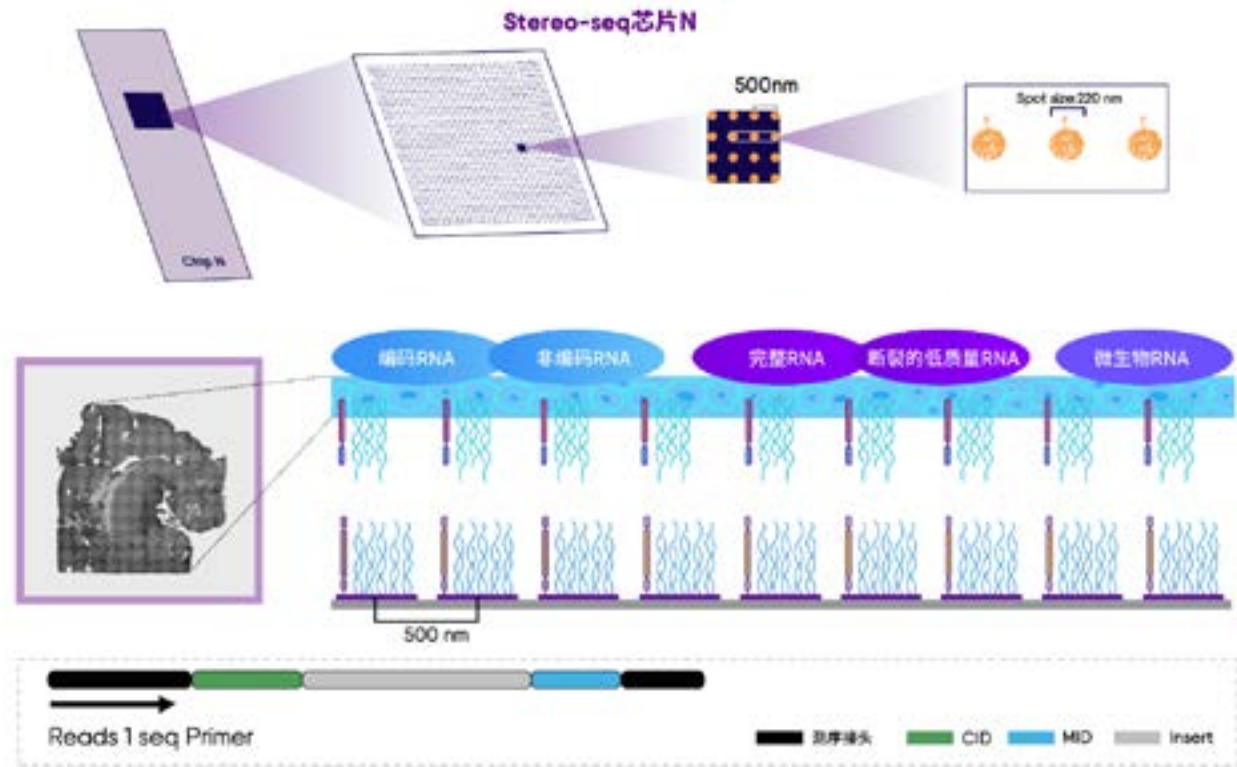
(a) 从 H&E 染色图像与空间转录组的数据叠加结果可看出肿瘤位于食管黏膜鳞状上皮，呈小管样；这与 (b) 病理学注释的 H&E 染色结果一致。该结构中，(c) 外层细胞表达 *TP63*，内层细胞表达 *KRT7/18*，(d-f) 注释为腺上皮区 *ERBB2+*(*HER2+*)。

*未发表研究数据，不可引用

02 时空转录组 FFPE 产品方案

2.1 产品介绍

基于全新探针设计的时空转录组 FFPE 产品方案，适用于福尔马林固定石蜡包埋 (Formalin Fixed Paraffin Embedded, FFPE) 样本，可提供单细胞分辨率的 Total RNA 空间信息，助力临床科研深入理解疾病的发生与发展机制。



• Stereo-seq FFPE 转录组试剂套装 - 时空文库构建

Stereo-seq FFPE 转录组试剂套装是用于制备 FFPE 样本组织切片全转录组文库构建的试剂套装。利用带有空间坐标信息的“随机探针”对 FFPE 样本中组织细胞内的 Total RNA 分子进行原位捕获并进行 cDNA 合成与连接，通过空间条形码 (Coordinate ID, CID) 还原回空间位置，实现单细胞分辨率全转录组空间表达图谱的构建。

利用同一试剂盒套装，可根据研究需求选择同一张组织切片上进行 H&E 染色或细胞核染色，结合强大的分析工具，以单细胞级分辨率灵活开展多模态数据分析。

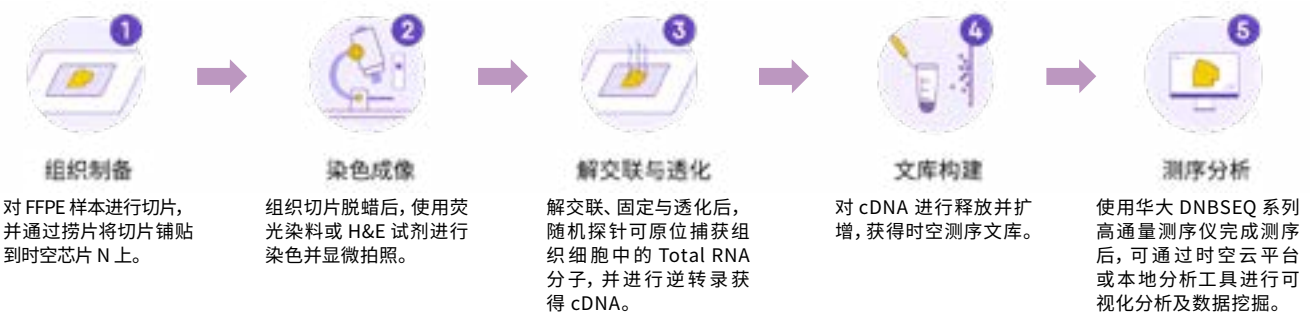


2.2 产品优势

- ☑ 同张切片 H&E 或细胞核染色
- ☑ 空间单细胞分析
- ☑ 编码及非编码 RNA 共捕获
- ☑ 微生物与宿主共检测
- ☑ 无物种限制

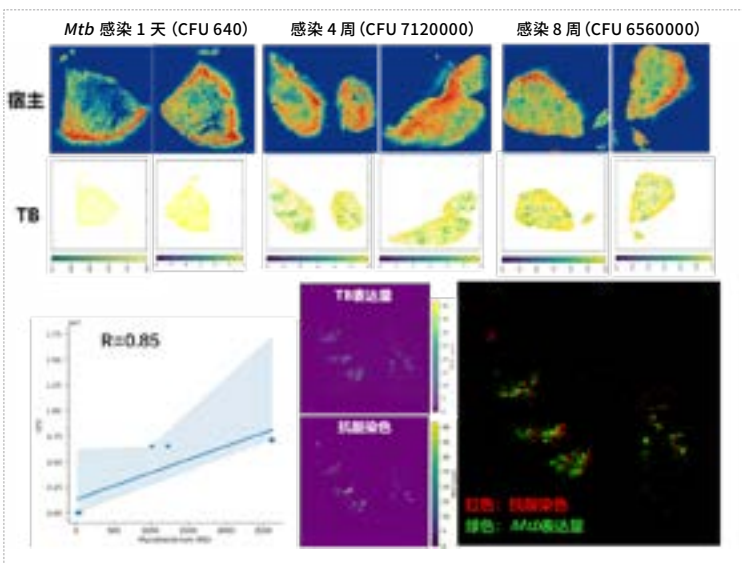


2.3 技术流程

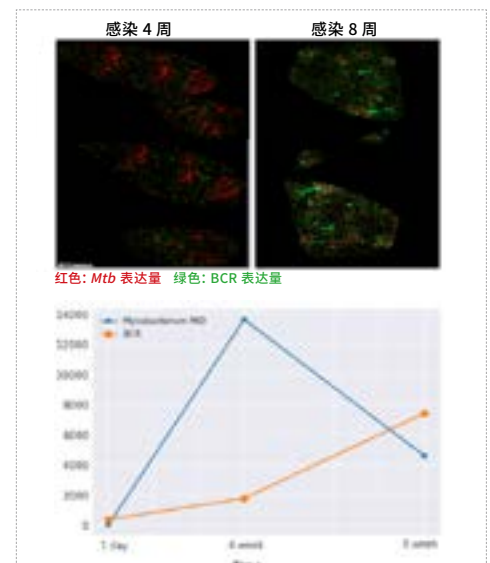


2.4 示例展示

- 时空转录组 FFPE 可提供微生物与宿主共检测结果。在感染鼠肺样本中结核分支杆菌 (*Mtb*) 的空间转录组检测数据与病理染色结果吻合。

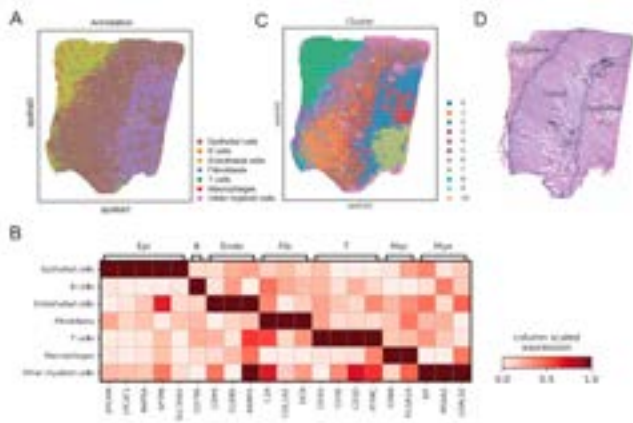


Mtb 转录本表达量与 CFU 有较好的对应关系
Mtb 转录本空间位置与 TB 抗酸染色的位置一致

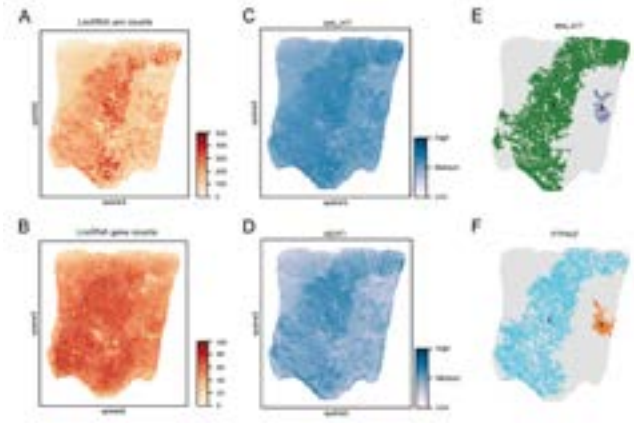


Mtb 含量与 BCR 相关基因表达量呈现一定的负相关性

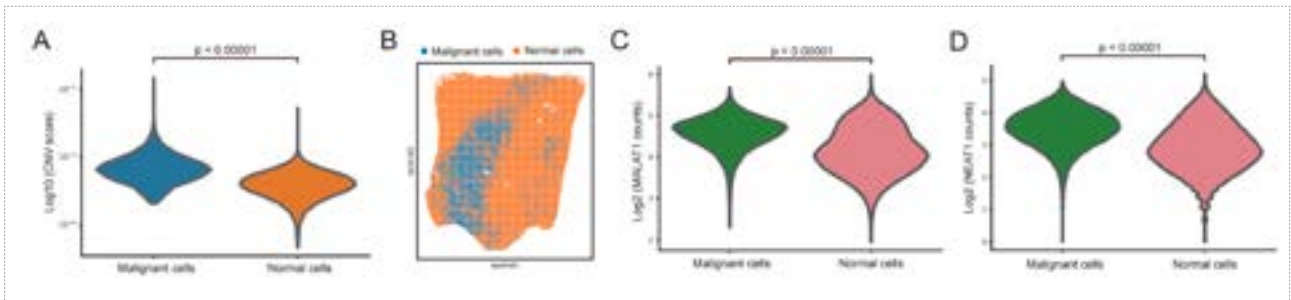
- 时空转录组 FFPE 可同时进行 mRNA 和 lncRNAs 的高分辨率空间分析。在人肺癌组织样本中，实现编码与非编码 RNA 的共捕获分析，联合非编码 RNA 精准解析肿瘤免疫微环境。时空转录组 FFPE 为发现深入机制、可治疗的靶点和新治疗策略铺平了道路。



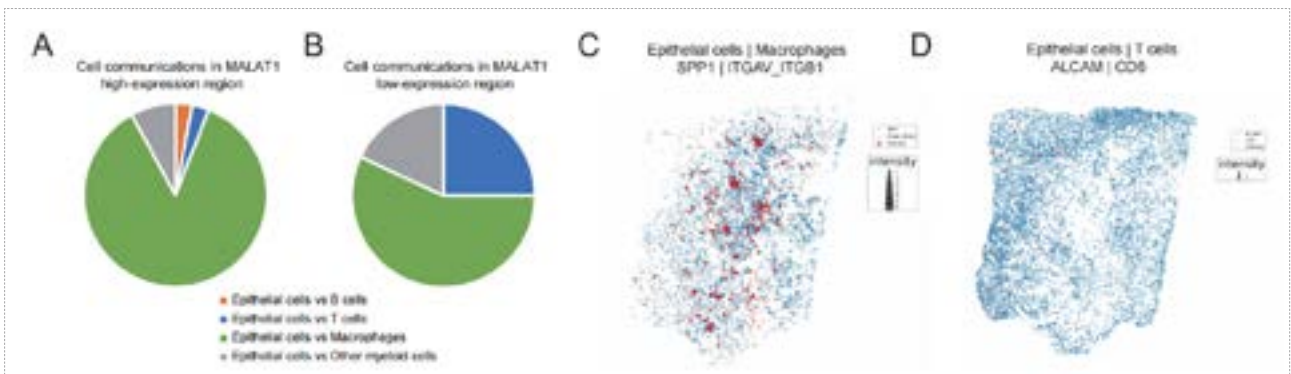
空间转录组刻画肺癌肿瘤免疫微环境 (TME)



lncRNAs 的空间表达模式以及与 mRNAs 的相互作用



空间可变 lncRNA 与恶性细胞存在空间相关性



空间可变 lncRNA 与 TME 存在空间相关性

03 时空转录组大尺寸芯片解决方案

3.1 产品介绍

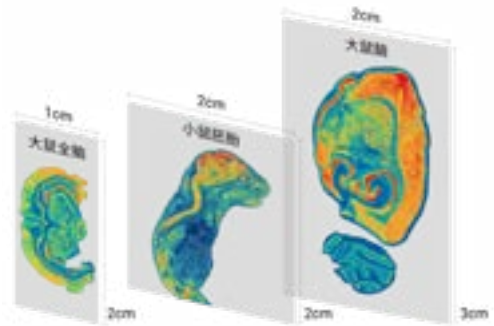
时空转录组大尺寸芯片解决方案现已推出芯片尺寸为 1 cm × 2 cm、2 cm × 2 cm、2 cm × 3 cm 的标准试剂盒产品，开创了对整个组织切片进行全转录组研究的先河。此外，华大时空支持根据实际研究需求定制化合作，捕获面积最大可达 13 cm × 13 cm，为您的科学研究提供更多选择。

大尺寸芯片单次实验检测面积更大，大大降低了空间转录组实验对样本尺寸的限制，精准匹配目标组织器官大小，助力研究人员在发育生物学、神经科学、肿瘤疾病等研究领域解析完整的细胞空间表达模式，真正实现器官和生命全景分子细胞图谱的绘制。



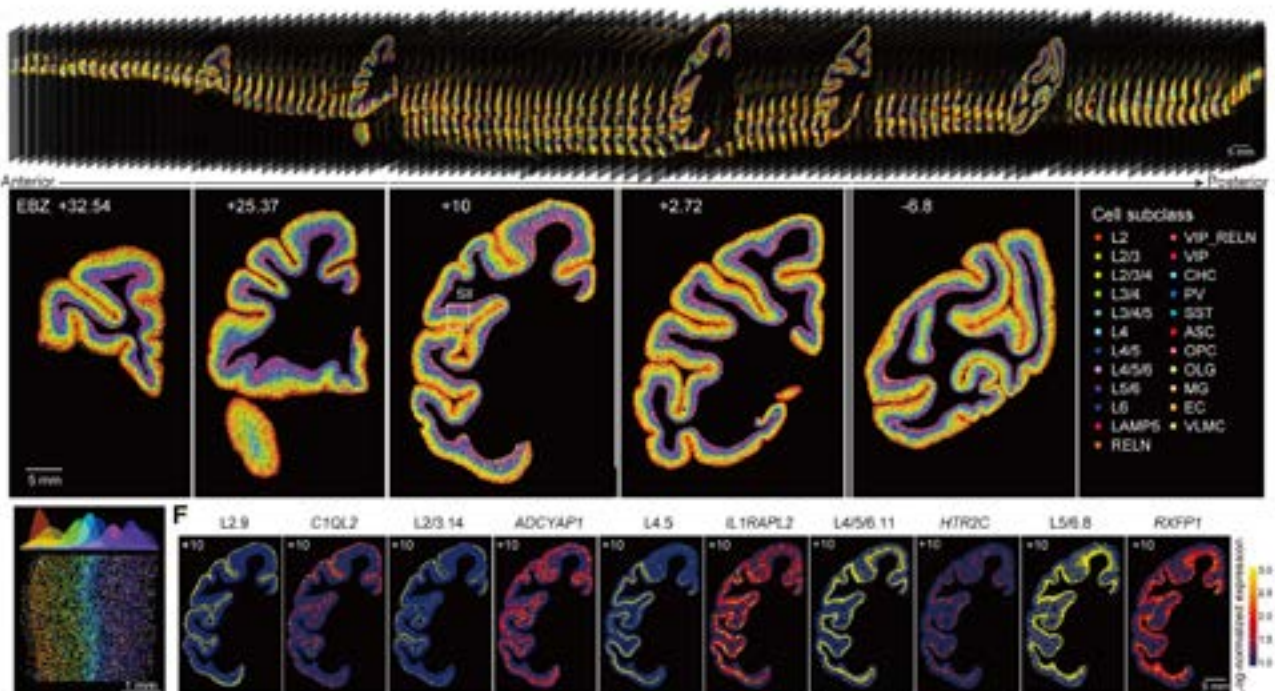
3.2 产品优势

- ☑ 单次实验检测面积大，且不影响 mRNA 捕获效率
- ☑ 以纳米级分辨率实现无偏全转录组原位捕获
- ☑ 支持芯片尺寸定制化，满足个性化需求
- ☑ 兼容全物种新鲜冰冻样本



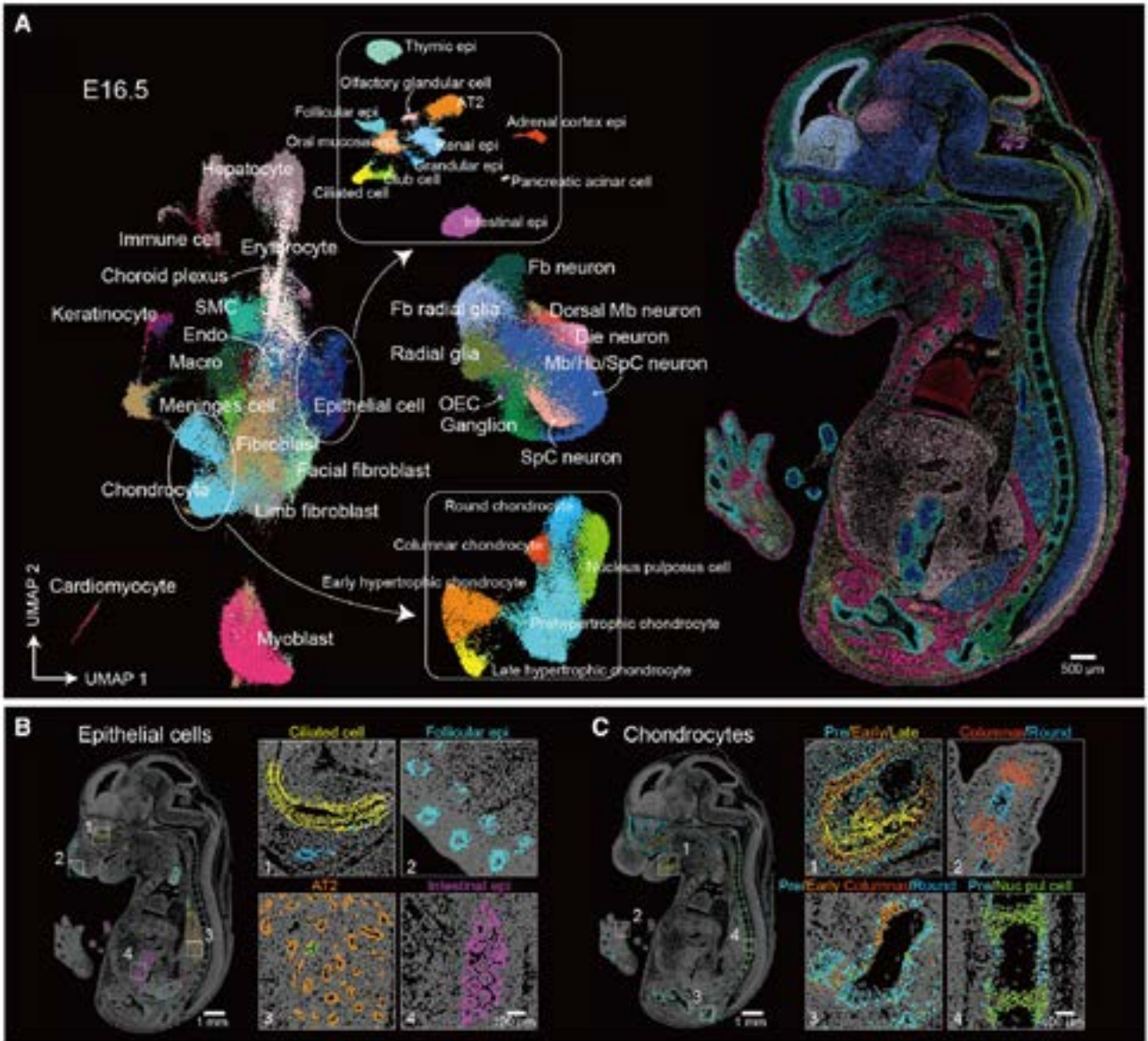
3.3 示例展示

- 绘制全球首个非人灵长类全脑皮层空间单细胞图谱^[4]



猕猴冠状切片 (上) 和 5 个样本切片 (下) 中的 264 种细胞类型在 23 个细胞亚类中的空间分布 (3 cm × 5 cm 时空转录组大尺寸芯片)

● 绘制全球首个小鼠胚胎生命时空全景图谱^[2]



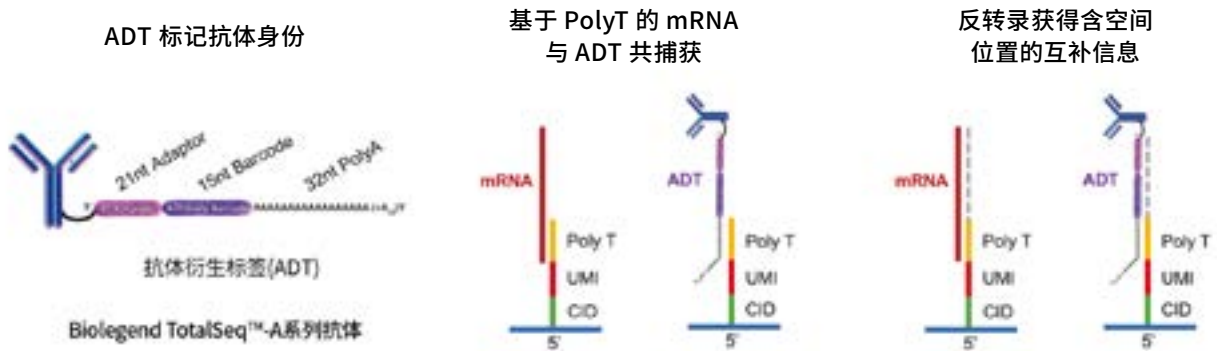
利用 Stereo-seq, 描述了小鼠胚胎发育中晚期的器官发育基因的空间表达模式以及器官发育的轨迹, 构建了小鼠器官发生时空转录组数据库 (1 cm \times 2 cm 时空转录组大尺寸芯片)。

04 时空蛋白转录组 Stereo-CITE 产品方案

4.1 产品介绍

时空蛋白转录组 Stereo-CITE 产品方案是以单细胞或亚细胞级分辨率实现“全转录组和蛋白组共检测”的整体解决方案，该方案适用于人和小鼠新鲜冰冻 (Fresh Frozen, FF) 样本。

同时，我们提供自研抗体自偶联技术支持，满足用户个性化蛋白抗体靶标检测需求，突破商品化抗体物种限制，助力深度洞察生物分子奥秘。



详细原理请参考：

[Integrated Spatial Transcriptomic and Proteomic Analysis of Fresh Frozen Tissue Based on Stereo-seq](#)

•Stereo-CITE 蛋白转录组试剂套装 - 时空文库构建

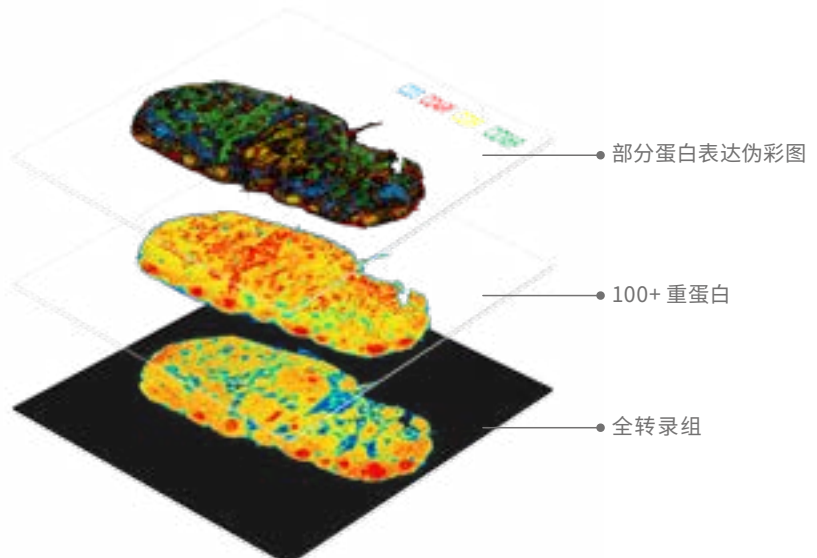
Stereo-seq 芯片上装载了具有空间坐标信息的捕获探针，可在同一张组织切片上原位捕获组织中的 mRNA 分子和抗体衍生标签 (Antibody Derived Tag, ADT)，并通过空间条形码 (Coordinate ID, CID) 还原回空间位置，生成基因和 ADT 表达图谱。

配套的生信分析软件和工具支持转录组和蛋白组联合分析，可获取全视场样本的转录组和高重蛋白空间分布信息，助力研究人员获得更广的空间组学研究视角。



4.2 产品优势

- ☑ 无偏空间原位多组学
- ☑ 100+ 重数蛋白检测
- ☑ 单细胞或亚细胞级分辨率
- ☑ 基于测序的空间蛋白检测
- ☑ 多组学联合分析工具

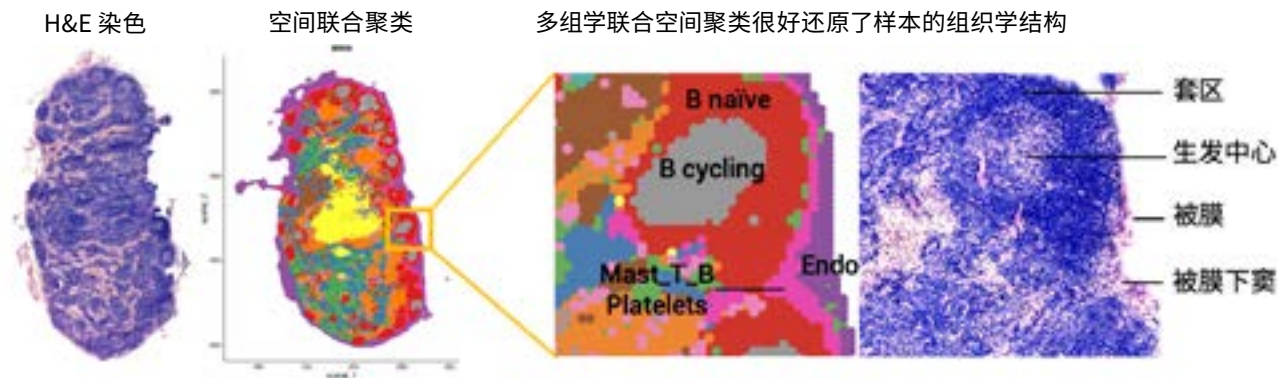
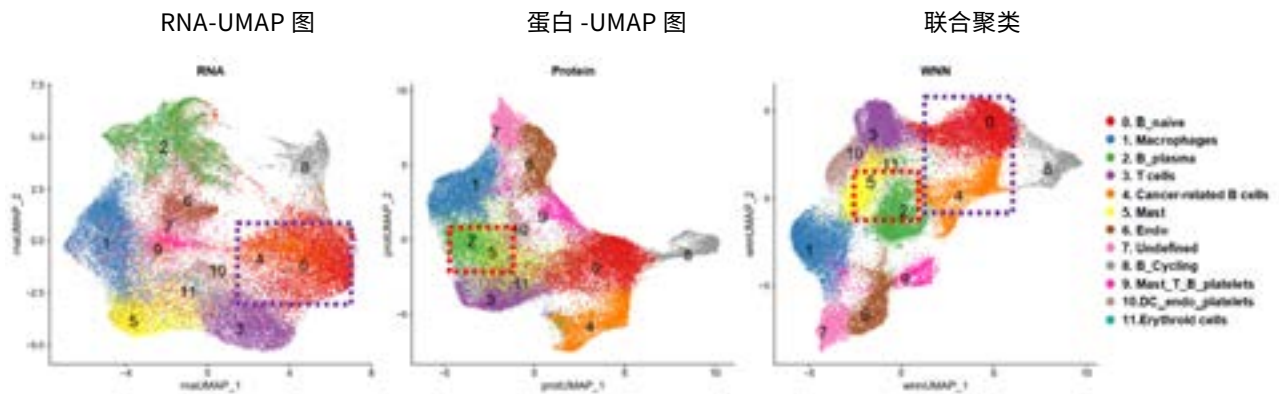


4.3 技术流程



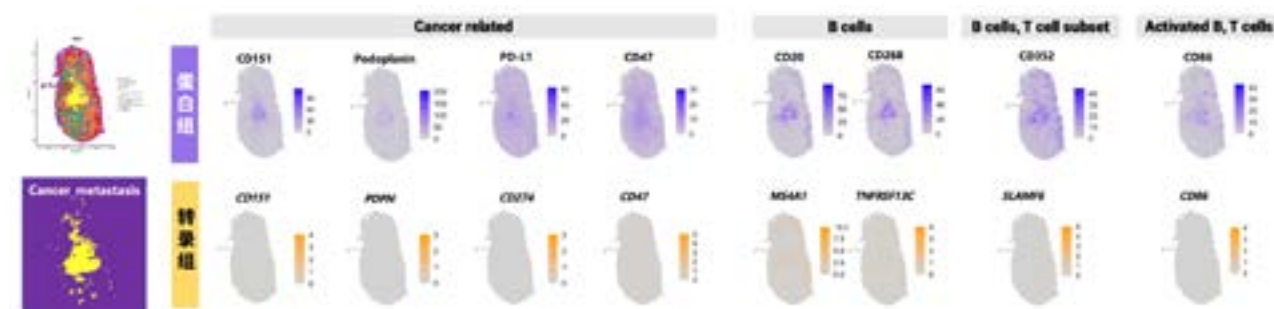
4.4 示例展示

- 多组学联合聚类在人癌旁淋巴结组织中还原样本的真实组织学结构。



* 未发表研究数据，不可引用

- 人癌旁淋巴结组织中，蛋白组捕获助力精准区分癌症迁移区域，刻画肿瘤免疫微环境，同时联合分析帮助发现了特征性区域。



* 未发表研究数据，不可引用

05 生信分析工具

华大时空为用户提供了本地生信分析工具和时空云平台 (STOmics Cloud) 两类数据分析解决方案。时空生信分析线下解决方案是集空间转录组标准分析 (SAW) 和空间转录组图像处理及数据可视化 (StereoMap) 于一体的全套方案。用户可使用线下 SAW+StereoMap 组合方案对芯片进行图像处理、数据分析、可视化展示及结果调整等操作。时空云平台可支持用户线上开展井然清晰的项目管理、进行灵活高效的数据分析。



5.1 时空组学数据分析 (SAW)

工具简介

Stereo-seq Analysis Workflow (SAW) 是一套生信分析流程软件包，整合了多个 Stereo-seq 空间组基因表达分析工具。它可以将测序数据映射到组织切片上的空间位置，量化特征表达，直观地呈现空间表达分布。SAW 处理来自 Stereo-seq 测序平台的数据，结合显微镜拍照图像，生成空间特征表达矩阵。分析人员可以将 SAW 标准分析流程输出的文件结果作为起点，开展下游生信分析。新版软件采用单体可执行程序 .tar.gz 文件的形式发布，可直接在 Linux 环境解压运行，无需额外配置计算环境。

转录组分析流程主要功能

① 还原 reads 空间位置

利用空间特异性条形码 CID 序列作为媒介，将测序 reads 映射回它们在组织中的原始空间位置。

② 获取表达矩阵

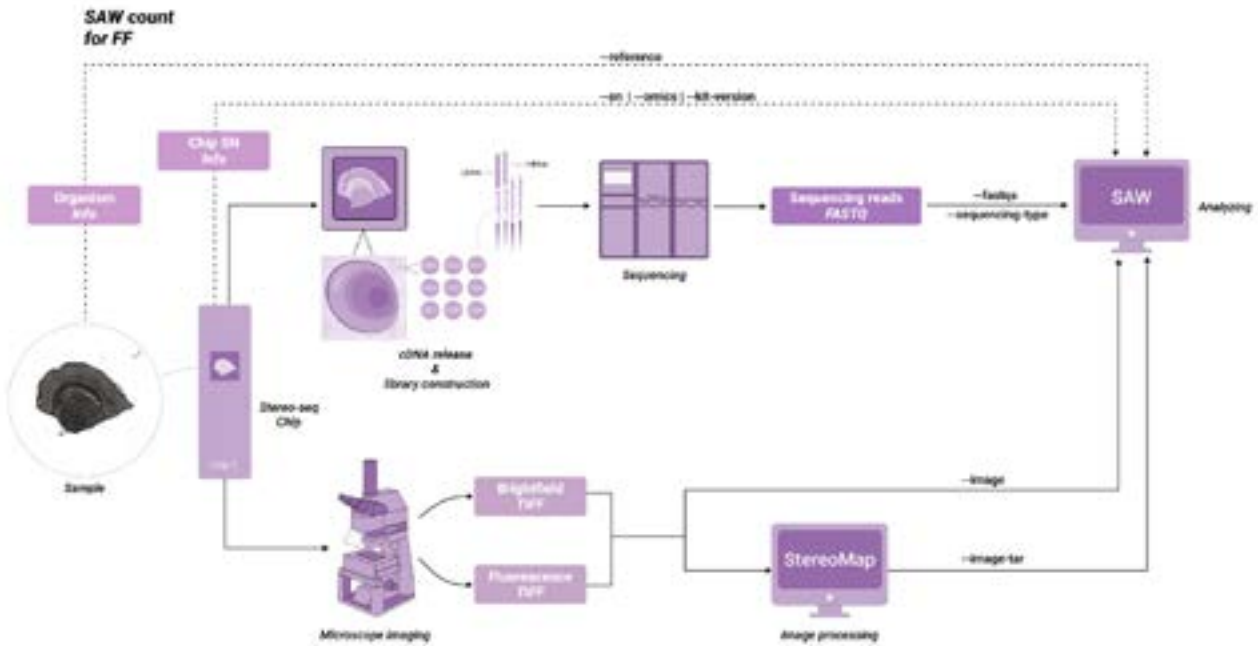
还原回组织中空间位置的 reads 通过比对、注释、过滤、矫正和去重等一系列操作，得到每个基因在空间中的分布和表达，生成空间基因表达矩阵。在分析过程中，Stereo-seq 的亚细胞级高分辨率数据可以通过合并多个单元格形成不同大小的“箱 (bin)”，来和其他模态的数据进行联合分析。在多组学分析中，SAW 可同时生成同切片样本在统一坐标系下的空间对齐的表达矩阵，以便后续进行多组学数据联合分析。

③ 图像识别、分割和配准

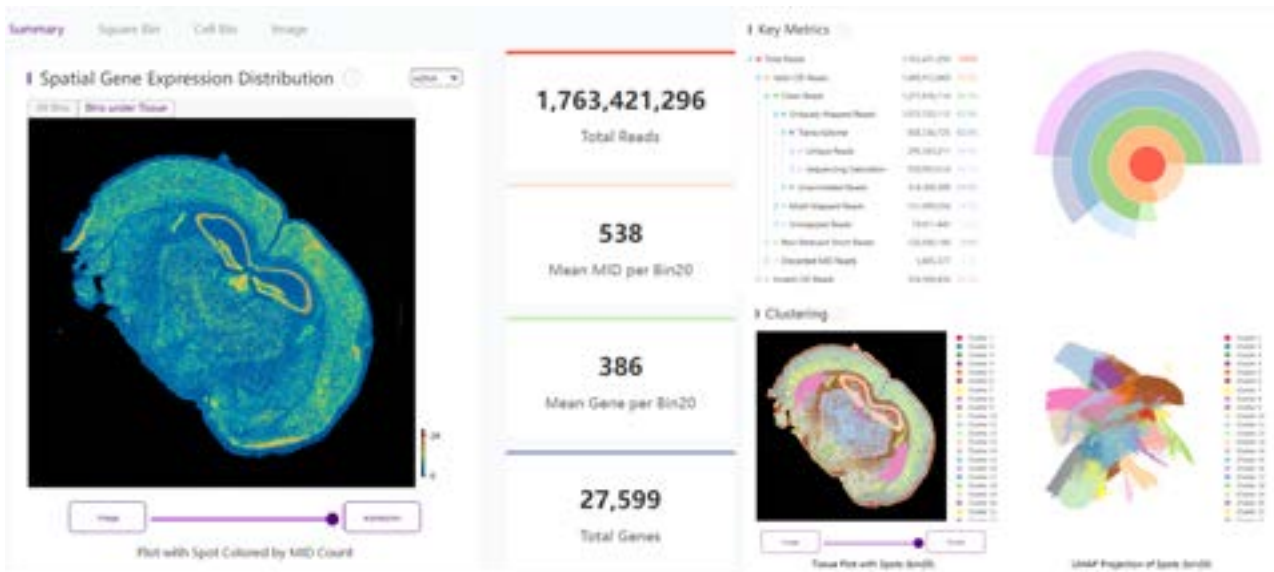
图像分析模块将显微镜拍照图像和空间表达矩阵进行对齐配准，利用深度学习模型，从显微镜拍照影像图中识别出组织和细胞，并进行分割。图像的认识和分割映射到空间表达矩阵后，便可以获取组织区域内或以细胞为单位的空间表达矩阵。

④ 初步下游分析

SAW 内包含基本的聚类和差异分析工具，为初步的信息挖掘提供数据支持。在多组学分析中，提供蛋白组 + 转录组联合聚类功能，助力挖掘隐藏信息。



SAW 时空转录组 FF 分析流程图



SAW 时空转录组 FF 分析流程生成的分析报告

5.2 图像处理 & 数据可视化 (StereoMap)

工具简介

StereoMap 是一款支持 Stereo-seq 数据集交互式探索挖掘的桌面端软件。StereoMap 分为三个主要部分，空间可视化 Visual Explore 模块，图像手动处理 Image Processing 模块，以及包含图像 QC 的小工具 Tools 模块。在时空数据分析流程中，图像数据首先进入 StereoMap 进行 QC 来评估是否可以调用 SAW 的自动图像分析算法，如无法满足要求，也可以使用 Image Processing 进行手动配准或圈选组织 / 细胞区域。完成 SAW 生信分析后，可使用 Visual Explore 模块呈现出时空数据亚细胞级分辨率的空间分布特征，助力深入了解潜在的生物学机制。



主要功能

① 时空多组学、多模态数据可视化

支持时空组学数据基因 / 蛋白空间分布的交互式可视化查看，支持时空转录组和蛋白组的联合展示，支持多类型矩阵和图像数据叠加展示，支持下游聚类和差异分析结果可视化。

② 多分辨率数据可视化

支持最高 500 nm 分辨率的空间矩阵可视化，同时支持以细胞为单位的 cell 分辨率的矩阵可视化。

③ 感兴趣区域圈选及手动配准

支持用户根据分析需求对组织或局部区域进行圈选，并导出相应文件用于后续分析。支持手动调整显微镜图像的尺度、角度和位置，与空间表达矩阵对齐后进行联合展示。

④ 流程化的图像处理操作，支持第三方图像处理工具的分割结果导入

Image Processing 模块将图像操作过程的配准、组织分割、细胞分割环节流程化，以降低学习和使用门槛。同时支持导入第三方工具生成的组织和细胞分割掩模图，降低手动操作的难度的同时，提高处理效率和自由度，帮助用户最终获取更为准确的 cell 分辨率的矩阵。

⑤ Tools 小工具模块

Tools 模块是一个灵活自由、使用便捷的工具库，实现数据处理、信息传递等功能，满足用户实验和全流程分析中的各项需求。其中的图像 QC 工具用于评估时空组学实验中拍摄的显微镜图像质量。用户需要在界面填写图像相关信息并完成质检，以确认是否可以在后续接入 SAW 时使用默认算法进行自动分析。

示例数据

示例数据可通过登陆官网页面进行访问：

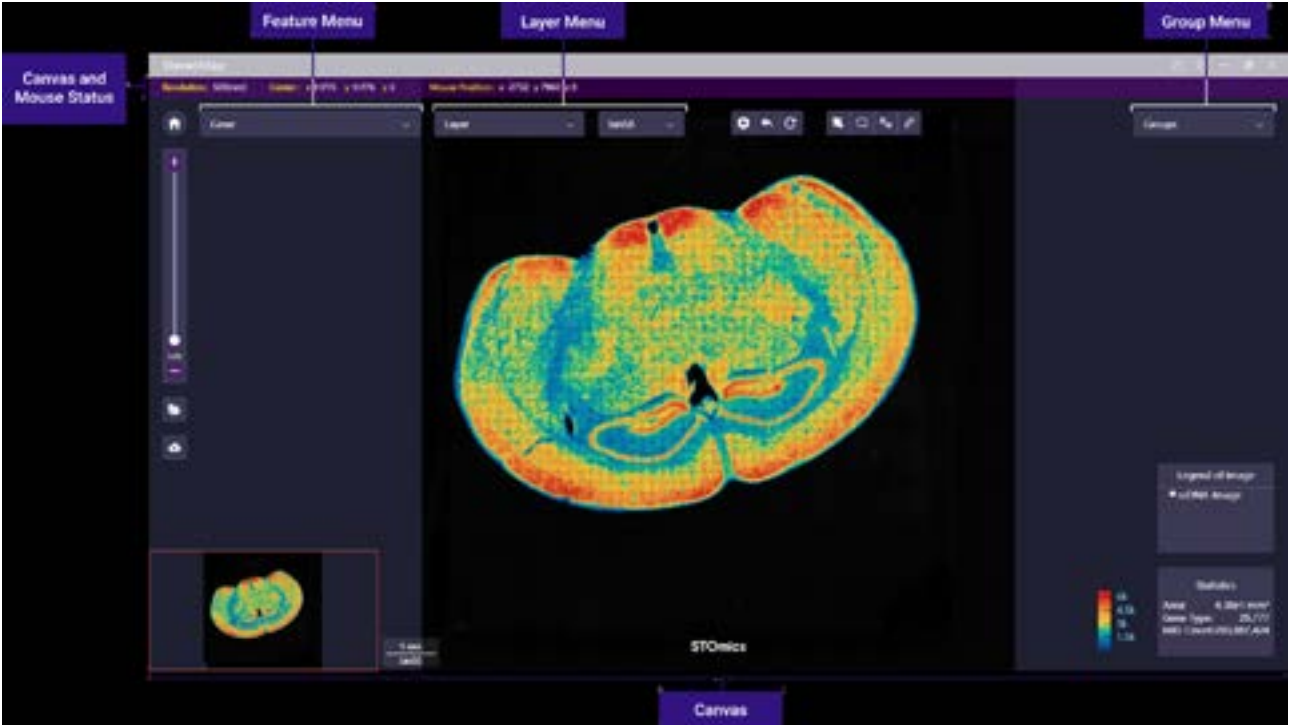
<https://www.stomics.tech/resources/DemoData/list.html>

实操案例

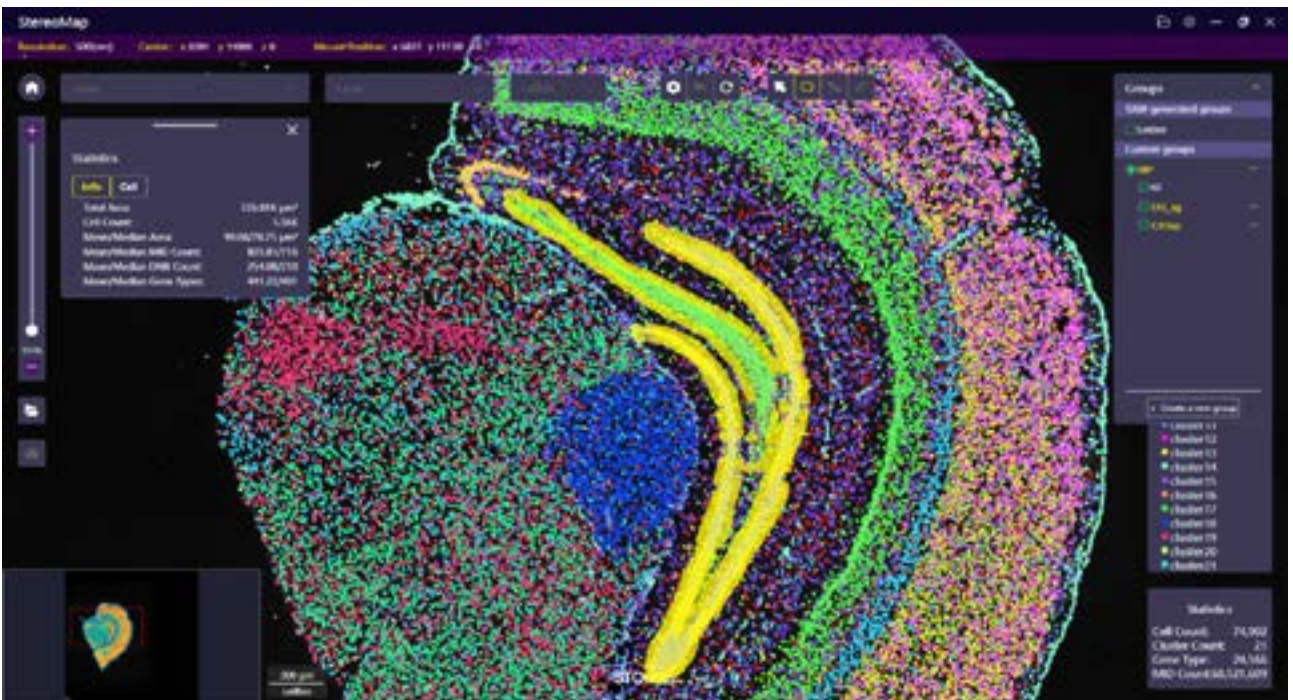
可从 StereoMap 手册中获取详细的各个模板功能介绍和实操案例:

<https://www.stomics.tech/service/new-StereoMap.html>

① 部分实操示意图



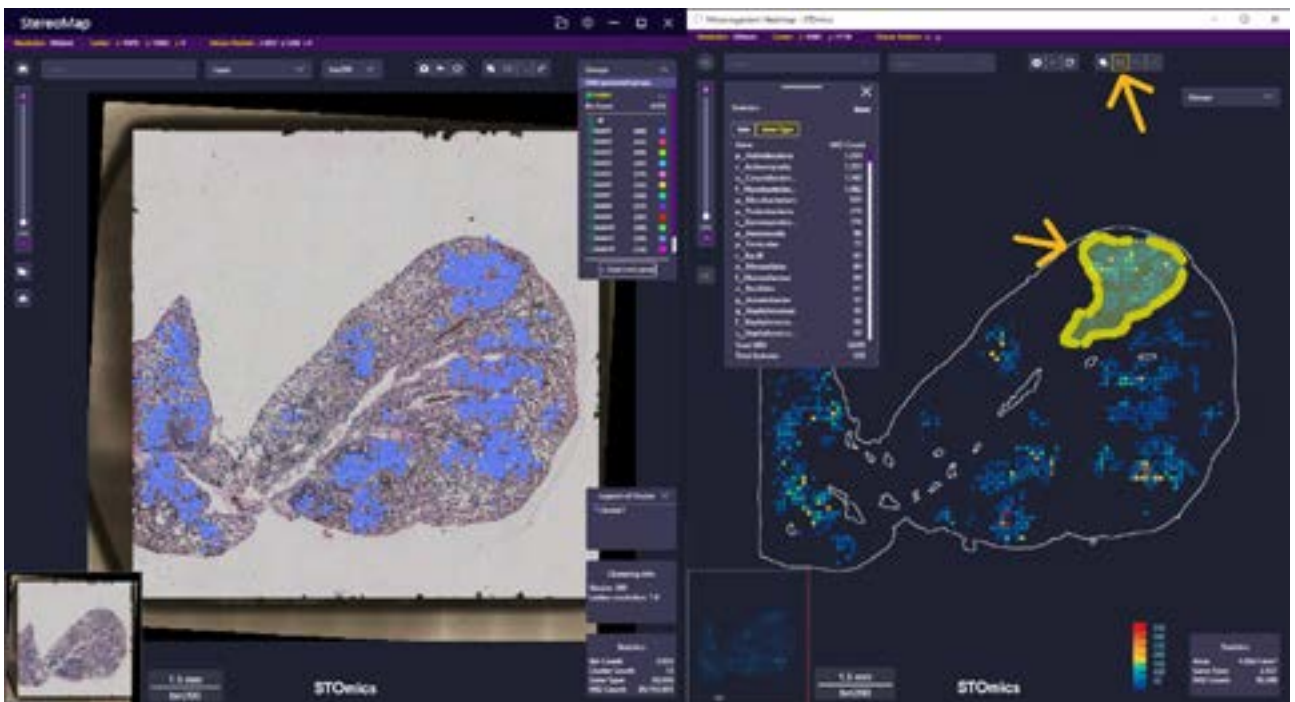
可视化模块界面布局



标注区域并生成相应热图

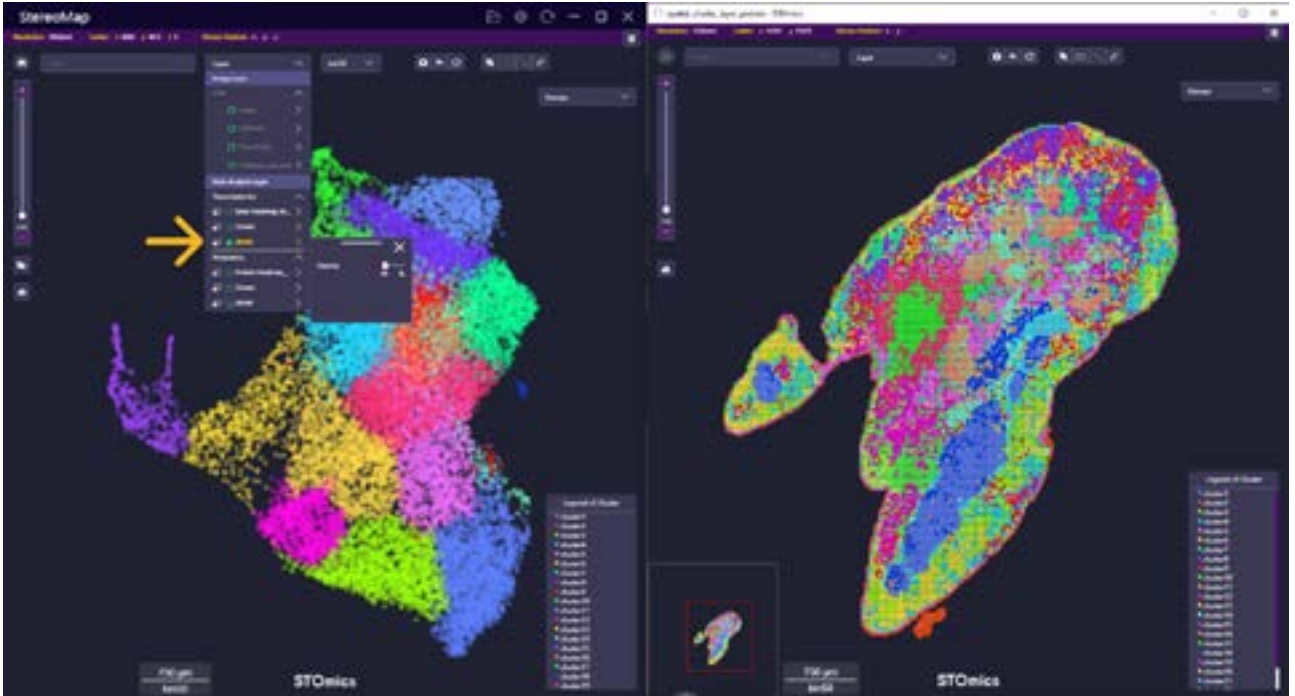


差异分析



微生物宿主分析

② 多组学联动功能示意图



UMAP 中的基因簇 (左) 和蛋白簇的空间视图 (右)

5.3 时空云平台 (STOmics Cloud)

华大时空分析软件不仅支持线下本地分析，而且集成进时空云平台 STOmics Cloud，简单易操作，可智能化地开展数据分析。

时空云平台 (STOmics Cloud) 是以时空为特色的多组学数据智能分析平台，可以管理和分析多组学数据，发布、共享和利用生物数据及工具。STOmics Cloud 以项目为核心，用户可快速将数据和工具整合到项目，实现分析过程可追溯、结果可复现、知识可分享、项目可协作，形成项目分析体系。



在线智能多组学分析平台



全链一站分析 + 丰富公开库

华大时空双平台分析工具是科学发现的加速器，可助力用户轻松便捷地实现多组学数据分析及全流程管理，突破更多科研成果发现。

产品应用

华大自主研发的时空组学技术 Stereo-seq, 在生长发育、疾病病理、脑科学、植物等多个领域有广泛应用, 并助力研究人员在 *Nature*、*Cell*、*Science* 等期刊及子刊发表了 110 余篇研究成果, 其中, IF> 10 的文章为 70 余篇。

为了帮助研究人员快速了解时空组学技术在以上领域的前沿应用, 我们整理了 Stereo-seq 在“生长发育”、“疾病病理”、“脑科学”等领域的应用手册, 手册内容涵盖 Stereo-seq 经典研究案例、发文列表等, 助力您的研究之路迸发更多创新思路。



扫码领取
Stereo-seq 三大应用领域经典案例集

参考文献

- [1] Liu L, Chen A, Li Y, Mulder J, Heyn H, Xu X. Spatiotemporal omics for biology and medicine. *Cell*. 2024;187(17):4488-4519.
- [2] Chen A, Liao S, Cheng M, et al. Spatiotemporal transcriptomic atlas of mouse organogenesis using DNA nanoball-patterned arrays. *Cell*. 2022;185(10):1777-1792.e21.
- [3] Sun Y, Hu Y. Integrative analysis of multi-omics data for discovery and functional studies of complex human diseases. *Adv Genet*, 2016, 93: 147-190.
- [4] Chen A, Sun Y, Lei Y, et al. Single-cell spatial transcriptome reveals cell-type organization in the macaque cortex. *Cell*. 2023;186(17):3726-3743.e24.

秉持合作与共享的理念，欢迎不同领域的科研人员能够更多了解并利用华大时空组学 STOmics，发现科学问题、解决科学问题，创造更前沿的技术、应用到人类社会和生命时代需要的每一个地方。

·仅供研究使用

版权声明：本手册版权属于深圳华大三箭齐发科技有限责任公司所有，未经书面许可，任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大三箭齐发科技有限责任公司及其提供者所有。

联系我们

邮箱: services@stomics.tech

网址: <https://www.stomics.tech>

地址: 深圳市盐田区梅沙街道云华路9号华大时空中心

