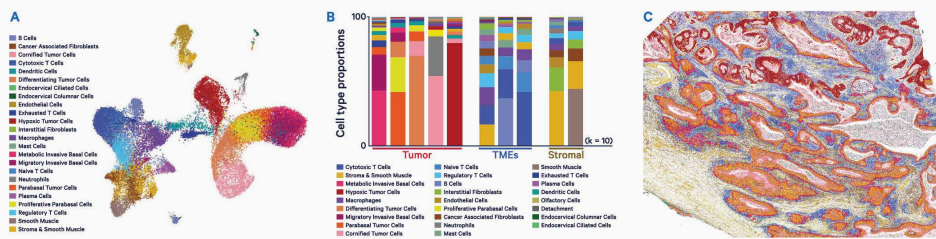


# 10x Atera空间无妥协： 全转录组+高通量+单细胞分辨率

## Atera技术亮点

### 01 全转录组覆盖

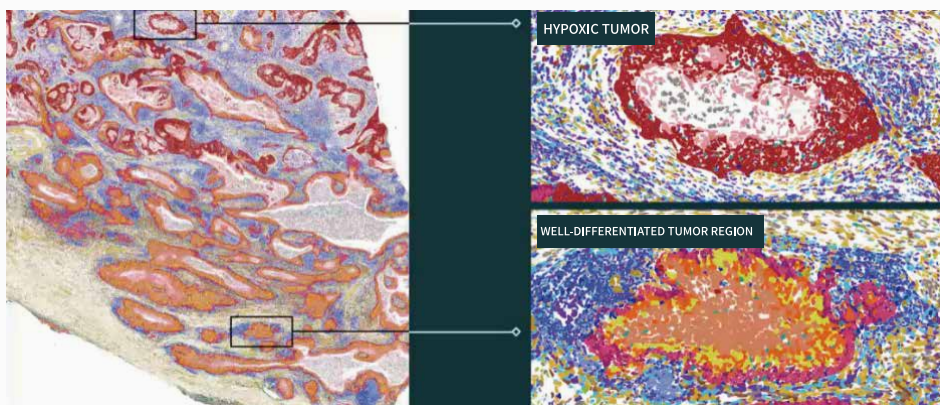
Atera检测基因数>18,000 (覆盖绝大部分蛋白编码基因), 获取完整生物学图景。还可额外定制1,000个基因, 不再局限于靶向Panel。并且将支持更多物种的检测。



Atera官方实测数据—临床宫颈癌样本中主要细胞类型的空间定位

### 02 单细胞分辨率

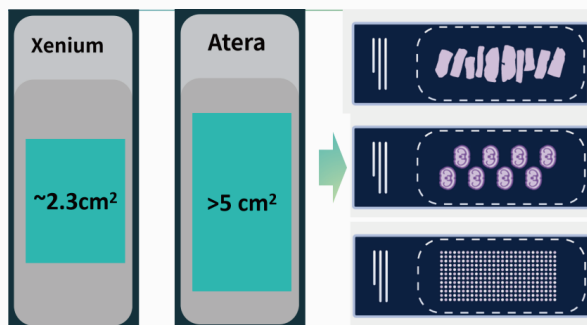
基于原位成像及多模态细胞分割技术, 像素尺寸约0.2  $\mu\text{m}$ , 能够实现真正的单细胞甚至亚细胞分辨率。



Atera官方实测数据—组织样本分子水平上不同的细胞状态

### 03 超大视野, 高通量

捕获面积>5cm<sup>2</sup>/每张, 并支持每次运行1至4张玻片的灵活配置, 可分析800cm<sup>2</sup>样本/年, 支持: FF、FFPE、组织芯片 (TMA)。



Atera更大视野芯片

服务热线: 400-820-3699

地址: 上海市浦东新区张江高科技园区蔡伦路999号1号楼5楼

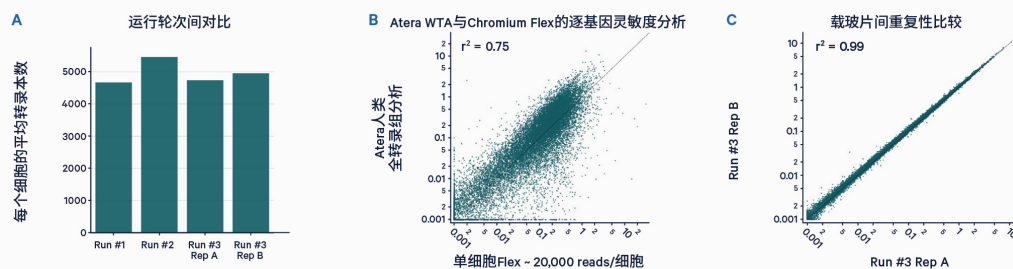
邮箱: market@shbio.com

网址: www.shbio.com



## 04 超高灵敏度

多轮独立及技术重复实验验证了Atera的高灵敏度、高特异性、低假阳性水平与高稳定性。



Atera官方实测数据—验证灵敏度、特异性与稳定性。A.多次实验运行下，组织单个细胞的转录本数量(灵敏度分析)。B.同一组织中，Atera WTA与Chromium Single Cell Flex Apex单细胞技术的基因检出相关性为  $r^2 = 0.75$ 。C.同一玻片上两次技术重复，细胞转录本数量相关性为  $r^2 = 0.99$ 。

根据10x 官方发布的数据集,对比同一块组织在Xenium v1和Atera的数据,及相同组织类型在Xenium及Atera的数据,Atera的基因中位数及中位转录本数等指标(灵敏度),提升了一个数量级以上,约15倍-20倍。超高的灵敏度可以帮助我们检测组织微环境中新的细胞状态、新的相互作用、稀有细胞类型等。

## Atera原位空间分析实测数据

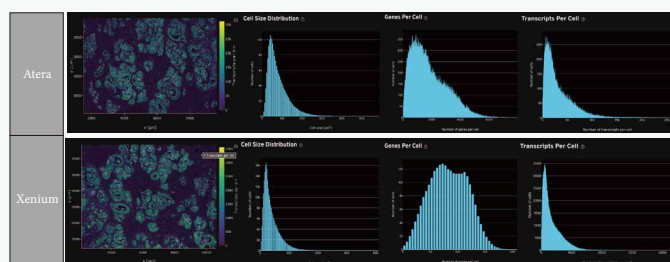
近日,10X官方更新了Atera的实测数据。目前的2例数据检测了乳腺癌和宫颈癌的FFPE样本。从结果来看,Atera全转录组检测表现优异,灵敏度与数据产出均大幅领先于Xenium。

### 案例一:乳腺癌FFPE样本实测对比

实测样本:WTA Breast Cancer (FFPE),Atera转录本检出与数据产出能力显著优于Xenium。

| Key Metrics              |                             |                                             |                                        |
|--------------------------|-----------------------------|---------------------------------------------|----------------------------------------|
| 170,057                  | 2,116                       | 4,549.2                                     | 624,095,990                            |
| Number of cells detected | Median transcripts per cell | Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | Total high quality decoded transcripts |
| Key Metrics              |                             |                                             |                                        |
| 254,480                  | 241                         | 517.9                                       | 117,652,311                            |
| Number of cells detected | Median transcripts per cell | Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | Total high quality decoded transcripts |

| Key Metrics                                 | Atera       | Xenium      | 差异              |
|---------------------------------------------|-------------|-------------|-----------------|
| Median transcripts per cell                 | 2,116       | 241         | $\approx 8.8$ 倍 |
| Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | 4,549.2     | 517.9       | $\approx 8.8$ 倍 |
| Total high quality decoded transcripts      | 624,095,990 | 117,652,311 | $\approx 5.3$ 倍 |

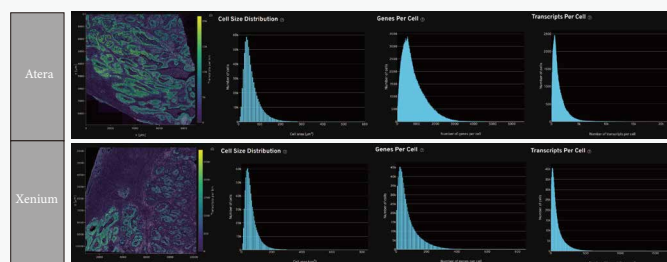


### 案例二:宫颈癌FFPE样本实测对比

实测样本:WTA Cervical Cancer (FFPE),Atera依旧表现出高检出、高灵敏度优势。

| Key Metrics              |                             |                                             |                                        |
|--------------------------|-----------------------------|---------------------------------------------|----------------------------------------|
| 717,576                  | 929                         | 2,252.0                                     | 1,040,030,708                          |
| Number of cells detected | Median transcripts per cell | Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | Total high quality decoded transcripts |
| Key Metrics              |                             |                                             |                                        |
| 840,387                  | 60                          | 150.1                                       | 89,640,525                             |
| Number of cells detected | Median transcripts per cell | Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | Total high quality decoded transcripts |

| Key Metrics                                 | Atera         | Xenium     | 差异               |
|---------------------------------------------|---------------|------------|------------------|
| Median transcripts per cell                 | 929           | 60         | $\approx 15.5$ 倍 |
| Nuclear transcripts per 100 $\mu\text{m}^2$ | 2,252.0       | 150.1      | $\approx 15.0$ 倍 |
| Total high quality decoded transcripts      | 1,040,030,708 | 89,640,525 | $\approx 11.6$ 倍 |



从这两个释放的实测数据我们可以看出,相比于Xenium,Atera的全转录组分析方案可全面覆盖18000+编码基因,彻底摆脱Panel限制;其单细胞中位转录本检出量较Xenium提升8-15倍,凭借更高的检测灵敏度、更大的组织捕获面积及更强的数据产出能力,进一步助力更广泛深刻的空间转录组学研究。

服务热线:400-820-3699

地址:上海市浦东新区张江高科技园区蔡伦路999号1号楼5楼

邮箱:market@shbio.com

网址:www.shbio.com

