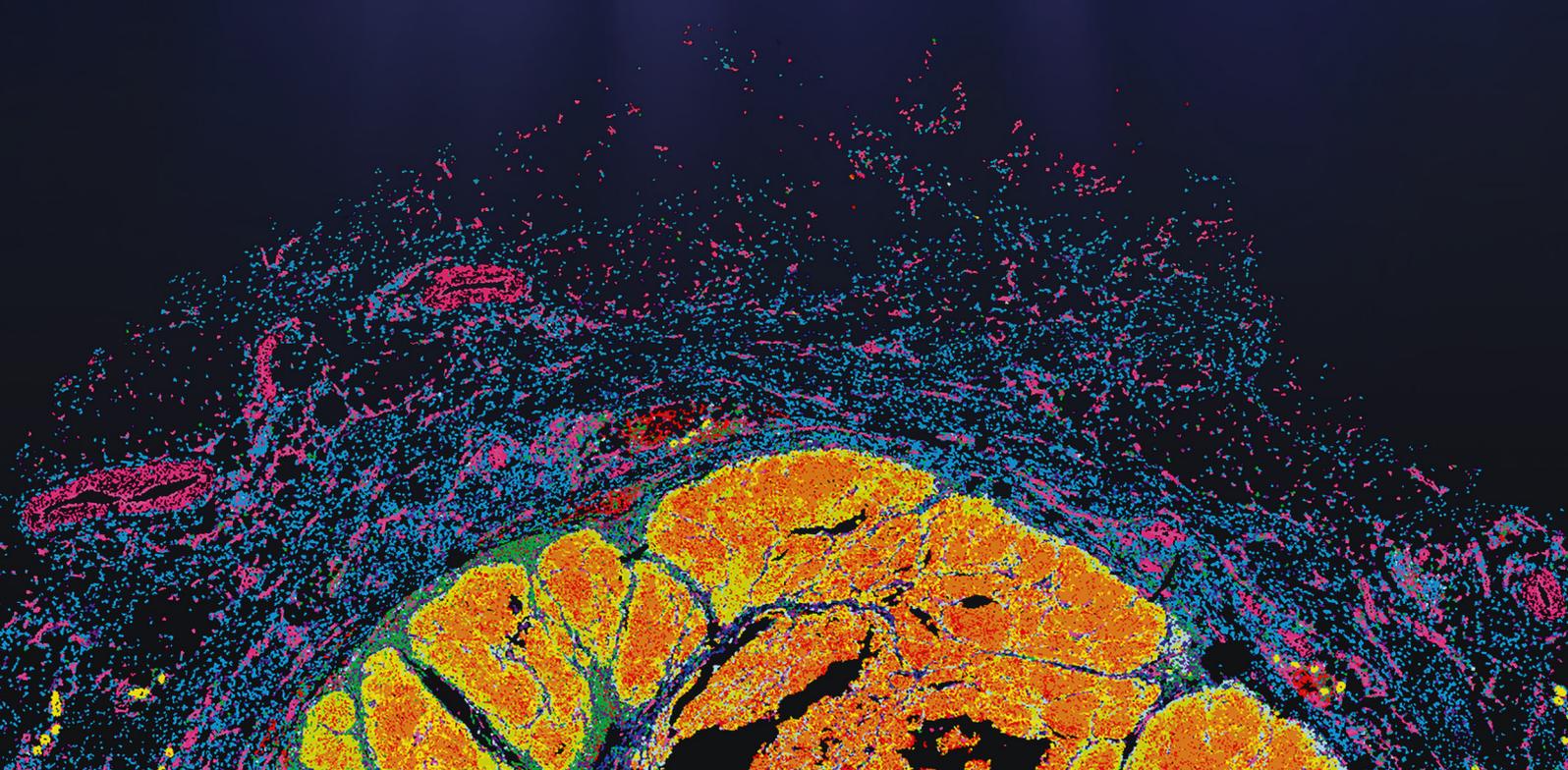


vizgen®

ultra

exploration

MERSCOPE Ultra™ 以卓越的靈敏度、極致的實驗靈活性，
以及大面積的 3.0 cm² 的成像區域，與您一起探索空間生物學的新境界。



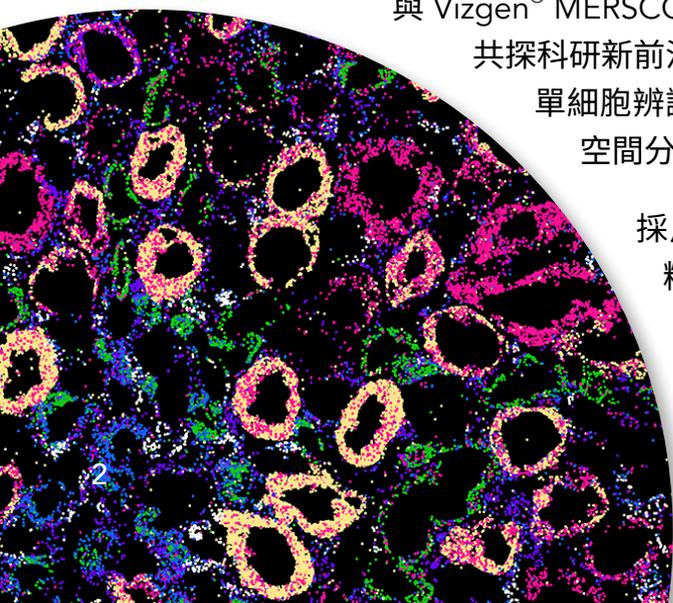
Introducing the MERSCOPE Ultra™ :

新一代 空間基因體平台



與 Vizgen® MERSCOPE Ultra™ 次世代超解析原位空間多重基因成像分析系統，共探科研新前沿——新一代 MERSCOPE Ultra™，集樣品成像、影像分析、單細胞辨識於一體。在不妥協靈敏度下，實現高解析、高通量與精準空間分子解析。

採用 MERFISH 2.0 技術，結合強大運算、專屬試劑與軟體，精確量化並定位組織中 RNA 與蛋白，助您深入剖析空間基因表現與分子互作。



大面積成像能力

高達 3.0 cm² 的成像區域，適用於面積較大的樣本或是多個小樣本。

極致的靈活性與客製化

根據研究需求量身打造，支援多物種、可擴展的成像面積，並提供多達 1000 個基因的客製化套組。

高空間解析度

實現從組織到單細胞甚至亞細胞層級的細緻影像。

無與倫比的靈敏度

體驗最高的檢測效率，即便是低表現量的 RNA 也能精準捕獲。

客製化的套組與特色

根據研究需求量身打造探針套組，支援多物種及可擴展成像面積。

卓越品質

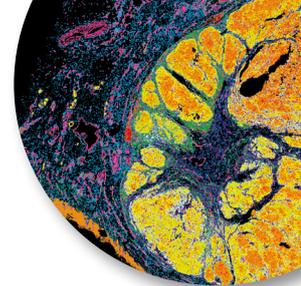
整合高解析光學與先進運算效能，實現穩定高效表現，涵蓋廣泛的動態範圍。轉錄體以緊密的點狀呈現，更精準區別單一細胞獨特的轉錄體。

運用 MERFISH 2.0 技術

憑藉尖端 MERFISH 2.0 技術，實現卓越的靈敏度與解析度。

專家支援

提供全球技術支援，助您跨越關鍵時刻。

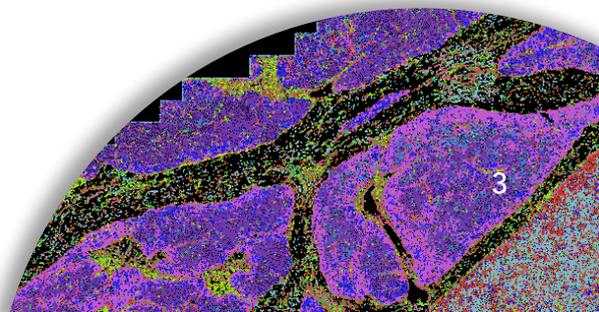


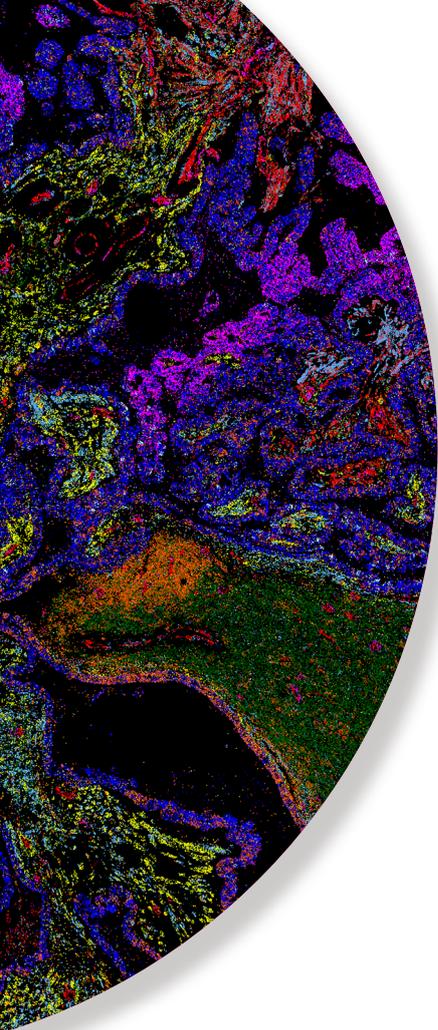
MERSCOPE vs MERSCOPE Ultra: Specifications Comparison

	MERSCOPE	MERSCOPE ULTRA
Vizgen Flow Chambers Supported	1) 1.0cm ² maximum imageable area	1) FCX-S (Standard): 1.25cm ² maximum imageable area 2) FCX-L (Large): 3cm ² maximum imageable area
Throughput	Up to 3.0cm ² per week	Up to 9.0cm ² per week
Multiplex Capacity	Up to 1000 genes	Up to 1000 genes
Optical Resolution	Oil immersion; High numerical aperture	Oil immersion; High numerical aperture objective
Transcript Localization Precision (X and Y)	≤ 20nm	≤ 20nm
Imaging Camera	Back-thinned cooled sCMOS camera	Back-thinned cooled sCMOS camera
On-Instrument Storage Capacity	15 TB	58 TB
Analysis PC Storage Capacity	15 TB	58 TB
Illumination Source	Multi-color laser	Multi-color laser
Automated Image Processing	Transcript decoding and cell segmentation	Transcript decoding and cell segmentation



Visit our website to explore the full output of a MERSCOPE[®] or MERSCOPE Ultra[™] experiment.





為何選擇 空間基因體學？

空間基因體學提供真實的單細胞解析，保留空間資訊並同時偵測上千種基因的表現與位置，展現廣泛的生物洞察力。

- 高專一性定位 RNA 轉錄體，解析度達 ≤ 20 nm，精準檢測極低表現基因。
- 在保留組織結構的同時，提供高效率多重檢測能力，在單一組織樣本中探索細胞個體、細胞間交互作用與組織結構。
- 空間基因體學能闡明疾病發展過程，並指引後續治療方向。

最大化空間數據的品質

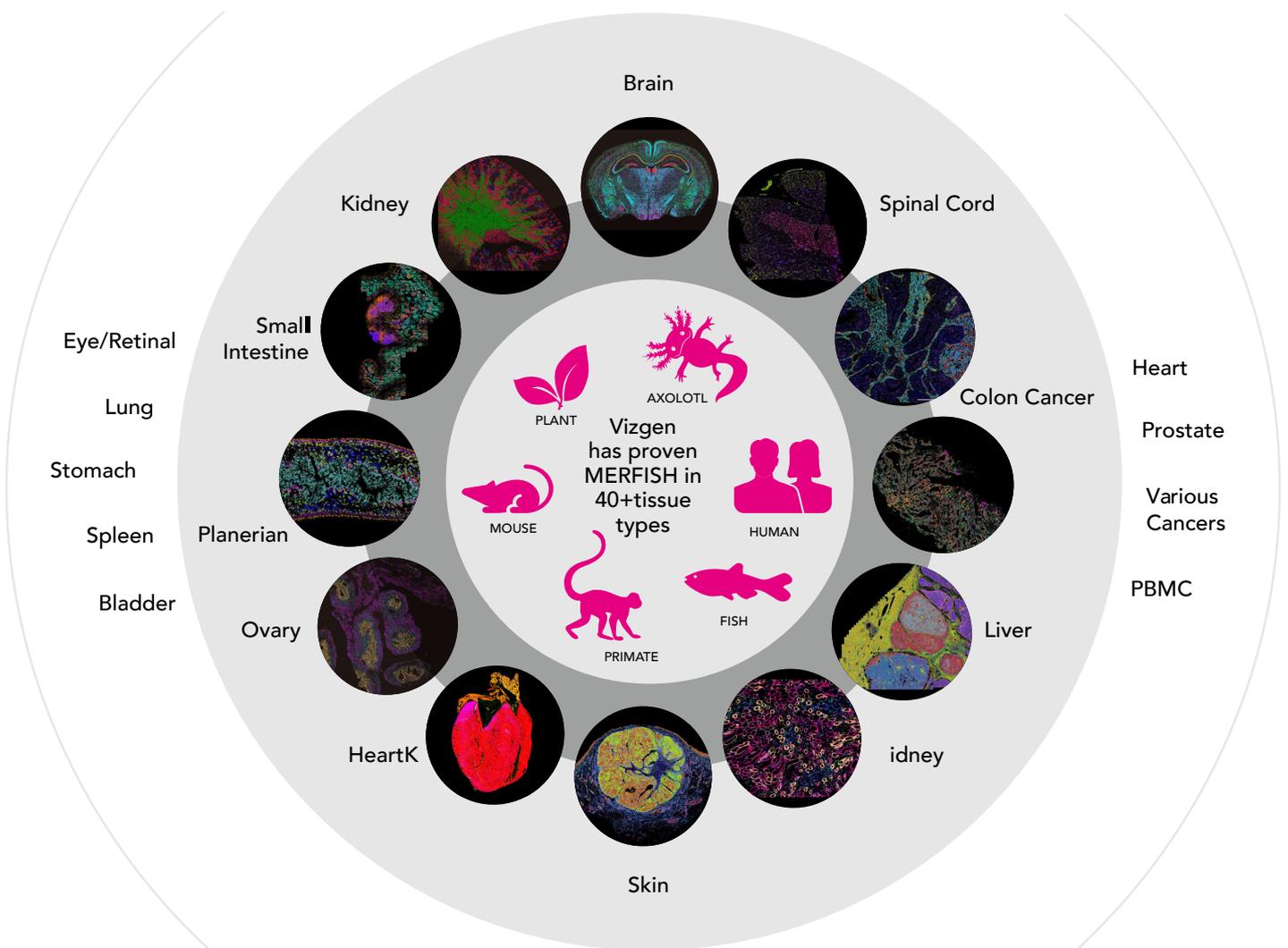
為了充分發揮的空間基因體學的潛力，可靠且高品質的數據是重要的。Vizgen 的科學家們結合他們豐富的空间轉錄體學經驗，定義卓越數據的關鍵指標。

Key Quality Metric	Sensitivity	Specificity	Information Density	Effective Multiplexing Capacity
Central Question	How many transcripts of each targeted RNA species are detected?	How many transcripts are identified correctly?	How many transcripts can the technology identify in a cellular volume?	How many different genes can the technology accurately profile at once?
Biological Significance	Many biologically relevant transcripts are expressed at low copy numbers.	Lower noise allows more transcriptomic variations to be discovered and stand out above the noise.	Characterizing subtle variations between individual cells requires sufficient information about each cell.	Measuring more biomarkers better characterizes the complexity inherent to a biological system.

為空間基因體學選擇正確的技術

選擇尖端的技術是空間學實驗的關鍵，這能確保數據的品質與實驗選擇性。MERSCOPE Ultra™ 整合尖端的光學、流體學、自動化數據處理，透過樣本輸入靈活性，讓您一次性的從感興趣的組織樣本中獲得高品質的分析結果。

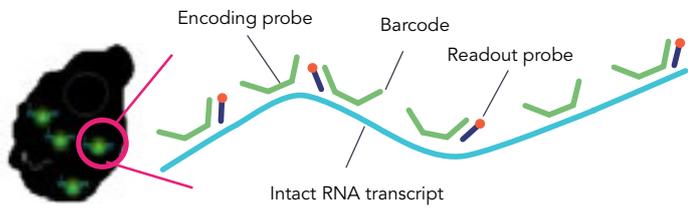
Flexibility in species and gene samples is critical



Compatible sample types include fresh or fixed frozen, adherent or suspended cells and FPE

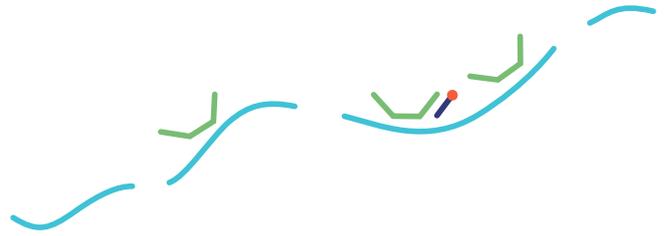
MERFISH 2.0 (Multiplexed Error-Robust Fluorescence In Situ Hybridization 2.0) 是承襲傳統 MERFISH 技術的全新進化版本，延續其獨特的二進位條碼設計、多輪影像截取與錯誤容忍演算的核心優勢，並結合全新化學設計，不僅大幅提升靈敏度，更進一步強化對低品質樣品的相容性與應用彈性。

高品質 RNA 樣本與傳統 MERFISH



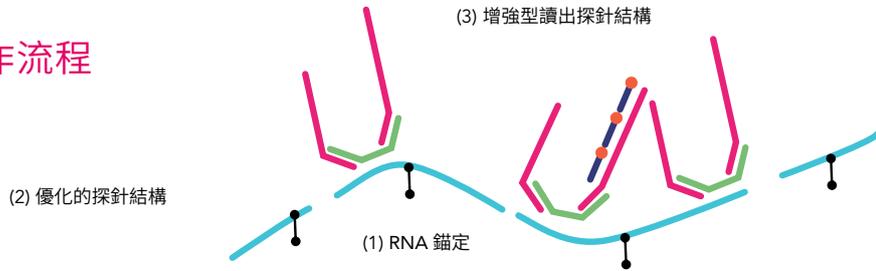
在 RNA 完整度較高的樣本中，多條編碼探針能成功結合於同一條轉錄本上，於代表「1」的編碼位置產生強烈的螢光訊號，提升偵測的準確性與靈敏度。

低品質 RNA 樣本與傳統 MERFISH



對於如 FFPE 等石蠟包埋樣本，RNA 降解嚴重，導致轉錄本高度碎片化，使得探針結合效率下降，訊號強度隨之減弱。當 RNA 品質不佳時，背景雜訊易干擾真實訊號，進一步加大準確定量轉錄體的挑戰。

MERFISH 2.0 處理低品質 RNA 的操作流程



MERFISH 2.0 實驗流程包含 4 個步驟

1- 樣品準備

將組織樣本固定於玻片並透化，可選擇同步偵測蛋白。MERFISH 2.0 強化 RNA 固定，提升 RNA 完整性，同時進行蛋白染色以供後續偵測。

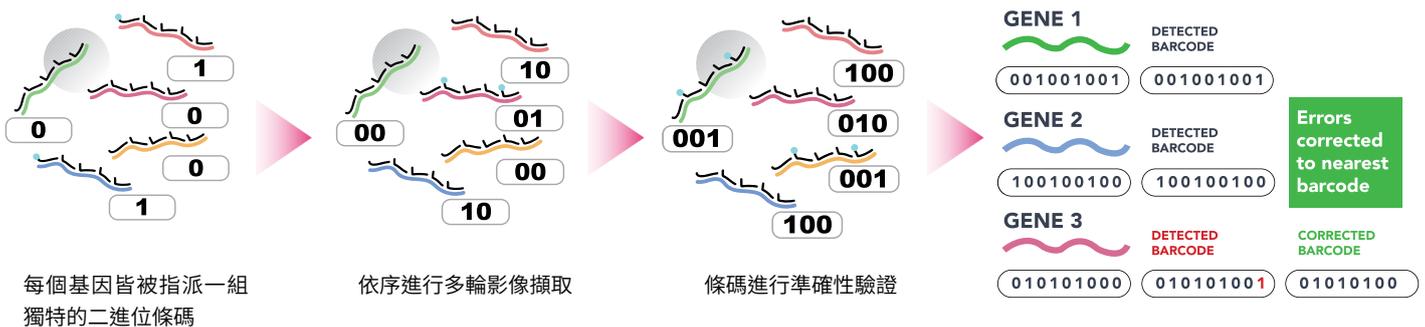
2- 組織透明化

通過膠體包埋和清理過程，移除多餘組織，僅保留結合的探針與轉錄體。

3- 雜交

將數萬個獨特編碼探針嵌入樣本中。優化的雜交步驟提升 RNA 佔有率，強化探針讀取效果。

4- 成像 以序列成像方式進行基因解碼。更多的讀取探針使用不僅增強訊號強度，亦大幅提升準確度。



MERSCOPE 數據輸出

List of all detected transcripts

.csv
.parquet

Mosaic images

.tiff

Transcripts per cell matrix

.csv

Cellmeta data

.csv

Cell boundaries

.parquet

Cell clustering annotations

.csv
.h5ad

Vizgen Data Output



Visualization and Analysis

視覺化工具：分析解讀數據



空間基因體學數據唯有搭配合適的分析工具，才能展現其真正價值。MERSCOPE® Visualizer 提升了空間數據的可解析性，使研究人員即使面對最複雜的 MERFISH 空間轉錄體資料，也能有效進行分析與詮釋。

數據輸出的普及

單細胞辨識

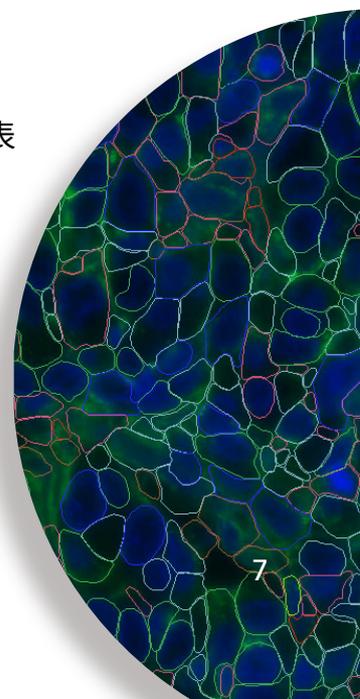
MERSCOPE Ultra 平台整合了多種工具，能在高密度的組織樣本中精確分辨單一細胞，使轉錄體能正確地分配至細胞，有助於後續的細胞歸類。

與第三方工具整合

數據輸出兼容 Seurat、Scanpy、BioTuring，以及 Heavy-AI 等第三方單細胞基因表現分析平台，支援建立空間轉錄體圖譜等結果。

開放的 VPI 工具

Vizgen Post-processing Tool (VPT) 能將幾十億的轉錄體分配至幾百萬的細胞中。作為免費開放的指令碼工具，VPT 具高靈活性，並與其他的單細胞辨識平台結合，優化 MERSCOPE 的單細胞實驗結果。其強調的擴展性及重現性，可在工作站，群集，或是雲端運行。



vizgen®



Vizgen 提供的空間基因體學方案開啟前所未有的生物視野，
幫助研究人員深入探索基礎生物學、醫學及臨床診斷等廣泛領域，
您將發現什麼？蒞臨 <https://www.blossombio.com/products/Vizgen.html> 啟動您的空間之旅。

