腫瘍微小環境を理解するための高パラメーターイメージング解析の価値

イメージングマスサイトメトリーウェビナー
ゲストスピーカー： Akil Merchant, MD

腫瘍微小環境(TME)における腫瘍細胞と免疫細胞の複雑な相互作用については、まだ十分な理解が得られていません。さらに、これらの相互作用が治療などによりどのような影響を受けるかなど、まだよくわからない点が多くあります。このウェビナーでは、TME 研究のための高パラメーター画像解析の最新の技術や方法について学びます。このウェビナーは、がん研究者、病理医、主治医、画像解析者など、デジタルパソロジーの分野で活躍する方々に最適です。今回のゲストスピーカーとして、現在カルフォルニア大学ロサンゼルス校（UCLA）の教育関連病院のシダーズシナイ医療センター(米国全体で7番目に優れた病院としてランク)にご所属のAkil Merchant（アキル マーチャント）博士にお話頂きます。
今回、2人のスピーカーに対し、事前に質問をお受けします。
質問を是非、登録フォームへ記載してください。日本語でも英語でも構いません。 Merchant博士は血液、腫瘍の専門医です。アメリカでのトランスレーショナルリサーチと臨床研究に関してのご質問など、是非この機会を活用して頂ければ幸いです。

Hyperion Imaging Mass Cytometry（IMC）：
組織切片の~37のタンパク質の同時測定を可能にするイメージング解析技術です。

2021年11月5日(金)
10:30-12:00 am (JST)
ライブウェビナー

ご登録はこちらから

https://zoom.us/webinar/register/WN_jTnoq1y8S--4PwxDNrDakQ

講演者とタイムスケジュール :

Sebastian Rodriguez, D.V.M., Ph.D.
CyTOF® Research Center,
Fluidigm Japan

10:30-11:10 JST
Presentation : 30min FAQ: 10min

免疫細胞サブセット間の複雑な相互作用を背景情報を失うことなく理解する必要性から、臨床判断に活用できるより高度な測定技術が必要とされています。IMCは、マルチパラメトリックな細胞懸濁液分析と典型的な免疫組織化学染色（IHC）の両方を連携させる架け橋となり、免疫機能と相関した表現型情報を提供し、治療効果を解釈するために良いツールとなります。本講演では、 IMCを用いたがん組織研究の基本的なワークフローと、このワークフローを補完するシンプルなデータ解析ツールについて説明します。

Akil Merchant, MD
Associate Professor and Director of Imaging Mass Cytometry Shared Resource,
Cedars-Sinai Medical Center

11:10-12:00 JST
Presentation : 40min FAQ: 10min

びまん性大細胞型B細胞リンパ腫（DLBCL）を対象に、IMCを用いて腫瘍と免疫細胞の構造を解析し、それを起源細胞、遺伝子変異、化学療法への反応性などの臨床病理学的特徴と関連付けることについて述べます。本研究は、腫瘍の変異プロファイリング、臨床転帰、TMEの多重免疫フェノタイピングを統合して、シングルセルレベルでのリンパ腫の空間解析を行った初めての研究です。

フリューダイム株式会社
〒103-0001
東京都中央区日本橋小伝馬町15-19 ルミナス4F
電 話 : 03-3662-2150 FAX: 03-3662-2154 Eメール: info-japan@fludigm.com

Learn more at
fluidigm-japan.com

The value of high parameter imaging studies to understand tumor microenvironment

IMC Webinar series
Guest Speaker: Dr. Akil Merchant

There is still substantial lack of understanding about the complex interactions between tumor and immune cells in the tumor microenvironment (TME). Moreover, how these interactions shape the response to therapeutic interventions is still unknown. In this webinar, we will learn about the latest advances on the use of high parameter imaging analysis for the study of the TME. This webinar is ideal for oncology researchers, pathologists, attending physicians, image analysts, and others working in the field of digital pathology.

2021 November 5th

10:30-12:00 (JST)
9:30-11:00 (SGP/CHN)

Register now

https://zoom.us/webinar/register/WN_jTnoq1y8S--4PwxDNrDakQ

Presenters :

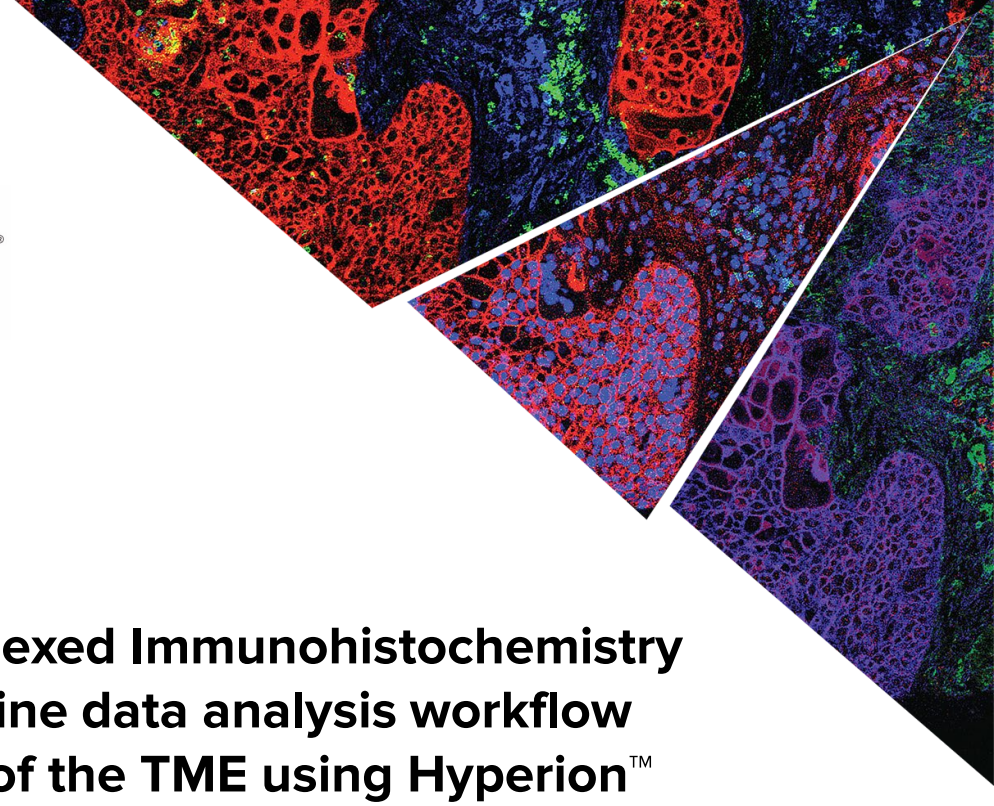
Sebastian Rodriguez, D.V.M., Ph.D.
CyTOF® Research Center,
Fluidigm Japan

10:30-11:10 JST | 9:30-10:10 SGP/CHN
Presentation : 30min
FAQ: 10min

Akil Merchant, MD
Associate Professor and Director of Imaging Mass Cytometry Shared Resource,
Cedars-Sinai Medical Center

11:10-12:00 JST | 10:10-11:00 SGP/CHN
Presentation : 40min
FAQ: 10min

Learn more at **fluidigm.com / fluidigm-japan.com**



Highly Multiplexed Immunohistochemistry and a streamline data analysis workflow for the study of the TME using Hyperion™ Imaging Mass Cytometry

Sebastian Rodriguez, D.V.M., Ph.D.
CyTOF® Research Center, Fluidigm Japan

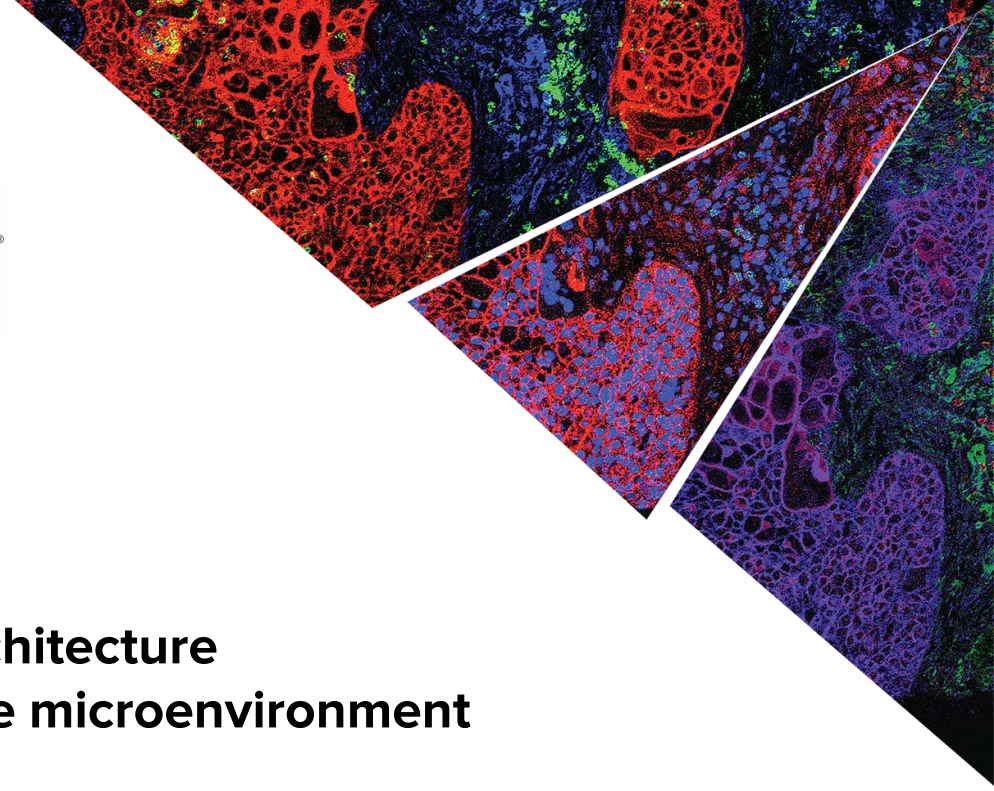
Studies using cells in suspension (both whole blood and peripheral blood mononuclear cells, PBMC) have been widely used to define immune cell subsets to an exquisite degree. However, these studies lack the ability to reveal where the immune system is in relation to, for example, the tumor.

On the other hand, typical histological techniques, such as immunohistochemistry (IHC), reveal the histological context of the tumor and the tumor infiltrating lymphocytes (TIL), but say little to nothing about TIL lineage.

With targeted and personalized therapeutic interventions being a need (and the norm) within clinical settings, particularly within the fields of immunotherapies, the necessity to better understand complex interactions between immune cell subsets without losing the context information has led to the need for more advanced measurement technologies capable of being utilized when making clinical decisions. Hyperion Imaging Mass Cytometry (IMC) serves as a bridge to liaise both, multiparametric cell suspension analysis and typical IHC, providing phenotype information (to and exquisite and unimaginable comprehensive degree) correlated with immune function in context, a snapshot upon which interpretation of checkpoint blockade inhibitor (CBI) therapy responses can be built.

In this talk, I will discuss a basic workflow for the study of cancer tissue using Hyperion™ IMC and a simple data analysis tool to complement to this workflow.

Learn more at **fluidigm.com / fluidigm-japan.com**



Single cell architecture of the immune microenvironment in lymphoma

Akil Merchant, MD
Associate Professor and Director of Imaging
Mass Cytometry Shared Resource,
Cedars-Sinai Medical Center

Multiplexed immune cell profiling of the tumor microenvironment (TME) in cancer has improved our understanding of cancer immunology, but complex spatial analyses of tumor-immune interactions in lymphoma are lacking. Here we describe the use of imaging mass cytometry (IMC) on in diffuse large B cell lymphoma (DLBCL) to characterize tumor and immune cell architecture and correlate it to clinicopathological features such as cell of origin, gene mutations, and responsiveness to chemotherapy. To understand the poor response of DLBCL to immune check point inhibitors (ICI), we compared our results to IMC data from Hodgkin lymphoma (HL), a cancer highly responsive to ICI. We created a spatial classification of tumor cells and identified sub-regions of immune activation, immune suppression, and immune exclusion within the topology of DLBCL. This is the first study to integrate tumor mutational profiling, clinical outcomes and multiplexed immuno-phenotyping of the TME into a spatial analysis of lymphoma at the single cell level.

Learn more at **fluidigm.com / fluidigm-japan.com**