



タカラバイオ・アメリエフ共催

# シングルセル遺伝子発現解析を活用した 創薬ターゲット因子の同定に向けて

日時：2024年 11月7日 (木) 17:00～18:00

会場：オンライン (Zoomウェビナー)

参加費：無料

申込：QRコードもしくはURLよりお願い致します

[https://amelieff.jp/news/241107\\_sc/](https://amelieff.jp/news/241107_sc/)

WET&DRYベストプラクティスセミナーは、技術テーマに関する実験からデータ解析までの一連の技術をお伝えするイベントです。注目されている技術について、新規導入や製品を比較検討するために、効率よく情報収集されたいみなさまに概況やエッセンスをお伝えしていきます。

近年、シングルセルレベルでの遺伝子発現解析の発展により、疾患メカニズムや薬剤のターゲット因子の同定をより高解像度に進めることができるようになりました。

本セミナーでは、多数のシングルセル解析の実績を持つタカラバイオより、シングルセル解析を行うためのサンプル準備方法から解析実施例まで解説します。続いて、アメリエフよりバイオインフォマティクスの観点から、神経細胞のシングルセルRNA-seq解析データを例に、疾患の制御に関連する遺伝子の因果関係を推定するベイジアンネットワーク解析の限界や適用条件についてご紹介します。質問の時間を設けておりますので、シングルセルの実験からデータ解析まで幅広い情報を収集いただく機会としてご活用ください。

※今回は2024年8月7日に実施した勉強会の録画配信となります。

## プログラム

17:00～17:01

開会のご挨拶

17:01～17:28

創薬プロセスに欠かせないシングルセル解析の活用

タカラバイオ株式会社 芦田 義裕

シングルセル遺伝子発現解析はこの10年で大きな技術進歩があり、解析細胞数や検出遺伝子数が増えています。最新の手法では、mRNAに対するキャプチャープローブを用いることで、凍結組織を固定化してから解析できるようになりました。これまで創薬研究における凍結組織の解析は困難でしたが、より簡便に解析できるようになりました。本セミナーで最新の手法についてサンプル準備方法など含めてご紹介します。

17:28～17:50

ベイジアンネットワーク解析を用いた創薬ターゲット因子推定手法の紹介

アメリエフ株式会社 山口 昌雄

神経細胞のシングルセルRNA-seq解析データを例に、先行研究の公開データを活用するためのデータ選定方法や解析方法をご紹介します。さらに、疾患関連遺伝子の因果関係を推定することを目指した試行的なベイジアンネットワーク解析の結果についてご紹介します。

17:50～18:00

質疑応答、閉会のご挨拶