

Xenium による空間的遺伝子発現データと シングルセルデータとの統合解析の提案

日時：2025年 **11月4日** (火) 16:30～17:30

会場：オンライン（Zoomウェビナー）

参加費：無料

ご参加には事前登録が必要です。（登録締切：2025年11月4日正午）

ご登録は下記のURLまたは右記QRコードよりお願いいたします。

https://amelieff.jp/news/251104_10x/



近年、空間的遺伝子発現データを活用した研究は大きく進展し、病態の理解や創薬マーカー探索に貢献しつつあります。本セミナーでは、Xenium In Situ platformを取り上げ、実験ワークフローから解析手法までを包括的に解説します。特にXeniumにおける解析の深度と精度を高める実践的なポイントをご紹介します。また、空間的遺伝子発現解析やシングルセル解析においては、それぞれの特性を最大限に活かすために、相互に補完し合うことが欠かせません。そこで、XeniumデータとシングルセルRNA-seqデータの統合手法を概説し、解析を進めるうえで押さえておくべきポイントについてもご紹介します。

質問時間を設けますので、実験ワークフロー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。

プログラム

17:00 ～17:01 開会のご挨拶

17:01 ～17:20 Xenium In Situによる空間的遺伝子発現解析

10X Genomics Japan 株式会社 佐藤勇次

Xenium In Situでは、多様な組織に最適化されたワークフローにより、高精度な空間解析が可能です。一方で、その性能を最大限に引き出すためには、組織に対する事前の品質確認や、研究目的に沿ったパネルの選定およびカスタム設計が重要です。さらに、取得データの解釈においては、Xenium Explorerを活用した可視化が解析の深度と精度を高める鍵となります。これらのポイントについて、本セミナーでは実践的な視点からご紹介します。

17:20 ～17:50 Xenium とシングルセル RNA-seq の統合手法と実践ポイント

アメリエフ株式会社 露崎 隼

空間的遺伝子発現解析とシングルセルRNA-seq解析は、それぞれ異なる強みを持っています。前者は組織内での細胞の配置や局所的な遺伝子発現の様子を捉え、後者は網羅的かつ高解像度で遺伝子発現を定量化できます。これらのデータを組み合わせることで、単独の解析では得られない新たな知見を導き出すことが可能です。本セミナーでは、Xenium In Situ データを題材に、シングルセルRNA-seq データとの統合手法を概説するとともに、細胞種アノテーションや結果解釈に役立つポイントもお伝えします。

17:50 ～18:00 質疑応答、閉会のご挨拶

無料相談会

セミナー終了後には、実際に解析を行っている技術者との無料相談会を実施いたします。

無料相談のご要望が多いため、初めてご相談される方のみ、完全予約制とさせていただきます。

お申込みの際にご希望をご記入ください。