

# 空間的遺伝子発現解析による創薬マーカー探索

## ～Trekker™とベイジアンネットワーク解析を組み合わせた解析の提案～

日時：2026年1月28日（水）17:00～18:00

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：2026年1月28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/260128\\_tb/](https://amelieff.jp/news/260128_tb/)



タカラバイオ社より2025年から提供が開始された、空間的遺伝子発現解析プラットフォーム「Trekker™」は、既存のシングルセルRNA-seqのデータに細胞の空間情報を付与したデータを取得できる技術です。そのため、シングルセルRNA-seqと同じクオリティで全遺伝子を対象とした解析を、生物種を問わず適用することが可能となります。

そのためTrekker™の空間情報と遺伝子間の未知の関係を推定可能なベイジアンネットワーク解析の組み合わせは、遺伝子間の関係性を高精度に推定できる点で非常に有効です。このアプローチは、疾患の機序解明や創薬マーカー探索を大きく前進させるものと期待されます。

本セミナーではTrekker™を用いた解析の具体的なノウハウやポイントを中心に解説いたします。

### プログラム

17:00～17:01 開会のご挨拶

17:01～17:20 Trekker™入門：シングルセルデータを空間データに変換する新技術

タカラバイオ株式会社 浅井 雄一郎

昨今、注目されている空間トランскriプトーム解析ですが、従来のシングルセルRNA-Seqデータと比べると、細胞当たりの検出遺伝子数が少ない、セルセグメンテーションに頼らざるを得ない、ATAC-Seqやレパトアと組み合わせて解析できない、など、シングルセルRNA-Seqとのギャップを感じることはないでしょうか？シングルセルデータをそのまま空間情報にコンバートする革新的技術Trekker™についてご紹介します。

17:20～17:50 空間シングルセルデータを活かした創薬マーカー探索の戦略

アメリエフ株式会社 露崎 隼

空間シングルセルデータを用いた、細胞種アノテーションや空間構造の可視化など基本的な解析手法に加え、創薬マーカーを探索するアプローチをご紹介します。特に、遺伝子間の因果関係を推定するベイジアンネットワーク解析を効果的に活用するためのストラテジーについても取り上げ、空間情報を活かす具体的な解析手法をご提案します。

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の、完全予約制とさせていただいております。

お申込みの際にご希望をご記入ください。