

## 空間的遺伝子発現解析のプラットフォーム間比較

～ Trekker を用いた細胞種同定から創薬マーカー探索まで ～

日時：2026年 **5月22日** (金) 16:00～17:00

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5月22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/260522\\_tb/](https://amelieff.jp/news/260522_tb/)



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ワークフロー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。注目技術やそのノウハウを導入することで研究を加速できるよう、ポイントをわかりやすくお伝えします。

近年、空間的遺伝子発現データを用いた研究が進展し、病態の理解や創薬マーカーの探索に大きく貢献しつつあります。しかし従来の技術には、「一細胞を正確に識別できない」「検出可能な遺伝子数が限られる」といった課題がありました。

本セミナーでは、これらの課題を克服し得る最新技術の一例として、Trekkerを中心に取り上げ、同一サンプルでの複数の空間解析プラットフォームによる解析結果を比較することで、その特性を明らかにし、創薬マーカーの探索につながる解析アプローチの一端をご提案します。またTrekkerではFFPEを取り扱えるよになりましたのでその最新情報もお伝えします。

質問時間を設けますので、サンプル調整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

16:00 ～16:05

開会のご挨拶

16:05 ～16:25

革新的空間解析テクノロジーTrekkerのご紹介 ～新製品！FFPE対応版が登場し、より幅広い研究に利用できるように進化したTrekker～  
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スクリ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ると解析できない」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。本セミナーでは新鮮凍結組織やFFPEから得られた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技術である、Trekkerシリーズの基本原則や解析例などについてご紹介させていただきます。

16:25 ～16:45

同一サンプルを用いた空間的遺伝子発現解析プラットフォームの比較検証  
～ 細胞種同定から創薬マーカー探索の解析戦略の構築まで～

アメリエフ株式会社 露崎 隼

空間的遺伝子発現解析において、目的に合ったプラットフォームの選択は重要です。本セミナーでは、主要プラットフォーム (Visium HD、Xenium、Trekker) の比較検証結果をご報告します。具体的には、同一組織由来の連続切片を用いてデータ特性を比較し、「細胞種同定」の観点から各技術を客観的に評価しました。この検証結果をもとに、空間解析の基本的なフローについて議論します。加えて、空間シングルセルデータを例に、創薬マーカーの探索につながるアプローチをご紹介します。空間情報を活かした解析戦略の一端をご提案します。

16:45 ～17:00

質疑応答、閉会のご挨拶