

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 **10月8日（木）** 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10月8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/261008_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。

急速に技術進化が進む空間トランスクリプトーム解析において、各プラットフォームの性能とデータ特性を見極めることは極めて重要です。

本セミナーでは、最新技術の一例としてTrekkerを中心に上げ、同一サンプルを複数の空間解析プラットフォームで比較することで、それぞれ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、シングルセル解析と空間解析情報を同時に取得できる「Trekkerシリーズ」の活用事例に加え、解析目的や検体の保管状態に応じた下流解析の組み合わせを、最新情報を交えてご紹介いたします。

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。

2026年5月22日開催イベントのアップデート版です。ご好評いただいた内容に最新情報を交えお届けいたします。

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

～Trekkerシリーズ最新アップデート情報と活用事例～

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で解析できない」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。あわせて、凍結組織のワークフロー改善により検出感度と位置決定率を大幅に高め、幅広い研究に応用可能となったTrekkerの最新情報もお届けいたします。

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

～同一組織切片から見出す各技術の特性と細胞種同定の実際～

アメリエフ株式会社 露崎 隼

急速に技術開発が進む空間的遺伝子発現解析において、研究目的に合致したプラットフォームの選定は極めて重要です。本講演では、同一組織由来の連続切片を用いた主要プラットフォーム（Trekker、Visium HD、Xenium）の実データ比較検証結果を報告します。遺伝子検出効率やノイズ特性、細胞種同定の精度など、各技術の強みと課題を客観的なデータに基づいて整理します。さらに、各手法の特性を補完し合う統合解析アプローチや、創薬マーカー探索に向けた実践的な解析戦略をご提案します。

16:45 ～17:00 質疑応答、閉会のご挨拶