

NGSエキスパート・ジョイントセミナー

RNA-seqの最適化と空間的遺伝子発現解析のリアル
～3社連携で描く失敗しない解析デザイン～



開催日時 2026年 6月 5日 (金) 14:00 - 17:00

内容

- 演題 1 空間トランスクリプトーム解析を成功させる検体前処理とRNA品質評価
ジェノスタッフ株式会社 瀬野 龍一郎 氏
- 演題 2 空間情報を最大限に引き出すStereo-seq実験プロセス
GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社) 秋山 康一 氏
- 演題 3 Stereo-seqデータ解析方法と遺伝子の制御関係の推定
アメリエフ株式会社 露崎 隼 氏

会場

名古屋市中区丸の内 3-17-6 ナカトウ丸の内ビル 2階

- ※ 会場に駐車場はございません。駐車はお近くのコインパーキング、又は、公共交通機関のご利用をお願いいたします。
- ※ 当日は、名刺1枚をご持参下さい。

定員

60名 (定員になり次第、締め切らせていただきます)

お申込方法

右記二次元バーコードからお申込みください。
https://cahc.seminarone.com/ngsExpertJointSeminar_cahc/event



【こんな方におすすめ】

- ・ RNA-seq解析をこれから始めたい、または基礎から整理したい方
- ・ 空間トランスクリプトーム解析に興味があり、導入や外注を検討している方
- ・ RNA-seqの経験をもとに、空間解析への展開を検討している方
- ・ 実験前処理からデータ解析・外注の進め方まで一通り把握したい方

【主催】



演題 1



Stereo-seqをはじめとする空間トランスクリプトーム解析は、供試する検体の品質が解析結果に大きく影響します。当社では、検体の良否を判断するための指標として、In situ hybridization法 (ISH) を用いた“面”によるRNAの品質確認をご提案しています。ISHを用いることで切片中のRNA品質を目視で確認することができ、解析に使用する検体の選別や品質の良い領域のみを切り出して解析することが可能です。本講演では、高品質なパラフィン切片を作製するための採材から切片作製までの前処理工程、さらにISHによる RNA品質評価について解説いたします。これらは当社独自の工程ではありますが、良好な解析データを得るためには検体前処理が極めて重要であることを ご理解いただける内容となっています。

演題 2



Stereo-seq はサブセラーレベルの超高解像度と高い遺伝子発現検出能を兼ね備えたSpatial Transcriptomics 技術で、多様な生物種・組織に適用可能な柔軟性を持っています。本講演では、Stereo-seq の技術原理、取得されるデータの特徴、解析に適したサンプル要件、そして実験から納品までの流れを技術的観点から解説します。参加者の皆様には、「どのようなサンプルを準備すれば Stereo-seq を最大限に活用できるか」を理解し、その先の実験データ取得までを一気通貫で進めるイメージを掴んでいただけます。

演題 3



空間的遺伝子発現に関する データ解析の要点を解説します。Stereo-seqは、全mRNAの配列情報を取得でき、多くの生物種に対して、様々な高次解析を実施することができます。その中でも、「ベイジアンネットワーク解析」を活用することで、遺伝子間の未知の制御関係を予測することができ、空間的遺伝子発現解析において強力なインパクトをもたらします。さらに本発表では、ベイジアンネットワーク解析を実施するために考えるべきデータ解析のストラテジーなどを紹介し、その実用性について解説します。

お問合せ先：

株式会社カーク 販売推進部

TEL : 052-971-6538

e-mail : info@cahc.co.jp