

第71回ワンストップ技術セミナーのお知らせ

※本技術セミナーは連続2部構成となります。どちらからご参加頂いても大丈夫です

2024年11月21日(木) 15:00-17:00 ※本セミナーは事前登録は不要です

開催方法：**会場開催+同時中継Webセミナー (Zoomハイブリッド開催)**

セミナー会場：東京大学薬学部南館 1F S1セミナー室

※Web参加の際は、下記zoomURLもしくは、右のQRコードより当日ご参加ください。



https://zoom.us/meeting/register/tJUvcu6sqzkuEtGuPM-e0o4MhdvnV5_EX1LL

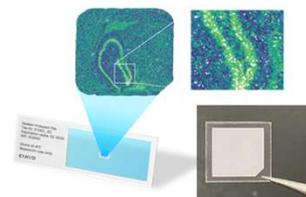
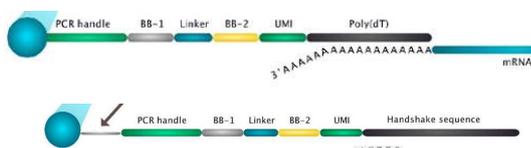
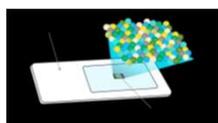
演題名：DNAバーコードビーズを用いた空間シングルセルオミックス解析ツールのご紹介 (Slide-seq v2/ Slide Tagsの製品化)

第1部：15:00-16:00 東京大学薬学部南館 1F S1セミナー室

演者：細野直哉 (バイオストリーム株式会社、アプリケーション担当)

要旨:近年、空間トランスクリプトーム解析は高密度化、高解像度化が進んで、空間シングルセル解析が現実のものとなってきております。CurioBioScience社はBroad Instituteで開発されたSlide-seq v2 (CurioSeeker) やSlide-tags技術 (CurioTrekker) を製品化し、高密度・高解像度の空間トランスクリプトーム解析や、空間シングルセルオミックス解析を実現しております。

CurioSeekerは直径10umのマイクロビーズが敷き詰められたガラススタイル上に新鮮凍結切片をマウントし、切片に存在するmRNAを効率的に捕捉して高密度・高解像度・高感度の空間トランスクリプトーム解析を行うことができます。CurioTrekkerも同様に10umのマイクロビーズを使用しますが、この技術はビーズ表面から位置情報を含むフォトクリーブオリゴを切り出して、組織切片の核内に浸透させ、その後切片から核を抽出して市販のキットで“位置情報を含んだ”snRNA-seqやsnATAC-seqを行うことができる技術です。現在の空間トランスクリプトーム解析における検出遺伝子数の問題や、細胞のセグメンテーションの問題を解決し、マルチオミックスで空間シングルセル解析が行える技術として注目されています。本セミナーではこれらの技術の原理、アプリケーション、使用例などをご説明いたします。



演題名：Combinatorial IndexingによるscRNA-seq法 (sci-RNA-seq)のご紹介

第2部：16:00-17:00 東京大学薬学部南館 1F S1セミナー室

演者：細野直哉 (バイオストリーム株式会社、アプリケーション担当)

要旨:近年、ハイスループットシングルセルRNAseq解析が一般化し、様々な分野で多用されております。しかし、不安定な細胞や、径が30umを超える大きな細胞など従来の技術では困難な事例が報告されており、技術的な改善が必要とされておりました。Combinatorial Indexing技術

(Science, 2017) を利用したプレートベースのscRNA-seqキットは、これらの困難なサンプルの解析を可能にしています。この技術では1キットで~50万細胞のデータを得ることができます。固定により細胞が安定化され、1年間冷凍保存が可能で、複数のサンプルを保管後、最大96のサンプルマルチプレックスで効率的に解析を行うことができます (抗体を使用しないため、どのような細胞、核サンプルにも使用可能)。特別な装置を必要とせず、ランニングコストも現在主流のドロッププレートタイプの半分程度でコストパフォーマンスにも優れております。本セミナーでは本キットの原理、パフォーマンス、アプリケーション (CRISPR screenを含む) を中心に紹介いたします。

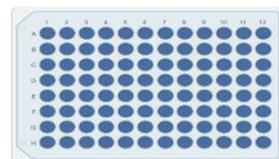
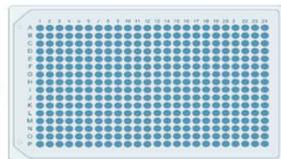
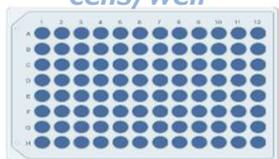


細胞 /核の固定
1年間保存可能

Split 1: RT Barcode
Input: 10,000 cells/well

Split 2: Ligation Barcode

Split 3: Indexing Barcode



Sequencing
125,000~
500,000cells