

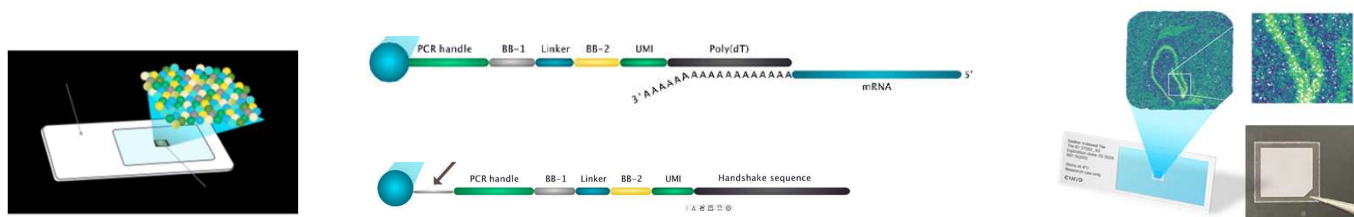
※事前のお申し込みは不要ですので、直接会場に起こしてください
※本テクニカルセミナーは連続2部構成となります。

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：令和6年10月24日(木)15:00-16:00 医科学研究所 1号館 2階 2-3会議室

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: Broad InstituteのEvan Makoskoラボで開発されたSlide-seq v2 (Nat Biotechnol, 2021)、直径10umのマイクロビーズを使用した高密度・高解像度の空間トランスクリプトーム解析ツール、CurioSeekerをご紹介させていただきます。また、同ラボで開発されたSlide-tags技術 (Nature, 2023) CurioTrekkerのご紹介をさせていただきます。この技術は、位置情報を含むフォトクリープオリゴを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、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が少ない問題や、細胞のセグメンテーション精度の問題などを解決し、マルチオミックスで真の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：令和6年10月24日(木) 16:00-17:00 医科学研究所 1号館 2階 2-3会議室

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）

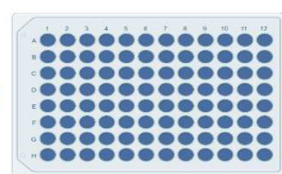
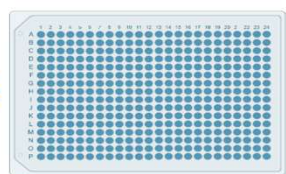
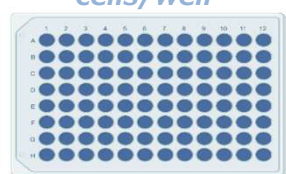
要旨: 近年、ハイスループットシングルセルRNAseq解析が一般化し、様々な分野で使用されております。しかし、不安定な細胞や、径が30umを超える大きな細胞など従来の技術では困難な事例が報告されており、技術的な改善が必要とされておりました。2023年にCombinatorial Indexing技術 (Science, 2017) を利用したプレートベースのscRNA-seqキットは、これらの困難なサンプルの解析を可能にしています。この技術では1キットで~50万細胞のデータを得ることができます。固定により細胞が安定化され、1年間冷凍保存が可能で、複数のサンプルを保管後、最大96のサンプルマルチ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レッ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

お問合せ先 バイオストリーム株式会社 info@biostream.co.jp 担当：福島



BioStream

