

「技術講習」要旨集



技術講習会のイメージを ChatGPT を用いて描画 (大谷先生ご提供)

コーディネーター：

大谷 直子 大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 教授

日時： 2026年6月4日(木) 13:00~16:25

会場： 千里ライフサイエンスセンタービル 5F サイエンスホール

主催： 公益財団法人 千里ライフサイエンス振興財団

協賛： 10x Genomics・Miltenyi Biotec

開催の趣旨

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学（生理学 第1） 教授

おおたに なおこ
大谷 直子

本技術講習会では、凍結保存された組織から高品質な遺伝子発現情報を取得できる Flex シングルセル・トランスクリプトーム解析について、その基本原理と手法を学びます。凍結組織のシングルセル化技術に加え、シングルセル・レベルでの網羅的な遺伝子発現解析の流れや、空間トランスクリプトーム解析への広がりについても理解を深めます。2日目には実習を通してシングルセル化のプロセスを体験していただきます。貴重な凍結検体を活用したシングルセル・トランスクリプトーム解析の可能性を広げることが、参加者の皆様への Take Home Message です。

プログラム

座長：大谷 直子

13:00～13:05

はじめに

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学(生理学 第1) 教授 大谷 直子

13:05～13:40

Flex で変わるシングルセル解析:プラットフォームとサンプル調製のご紹介 4

10x Genomics Senior Science and Technology Advisor 佐藤 勇次

ミルテニーバイオテック MACS サービス部 フィールドサポート 安達 慎也

13:40～14:15

シングルセル解析と空間トランスクリプトームの統合による組織内多様性の解析
..... 6

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 助教 越前 佳奈恵

14:15～14:50

シングルセル解析におけるゲノムコアファシリティの活用と解析支援 8

大阪大学微生物病研究所附属 バイオインフォマティクスセンター ゲノム解析室
副室長/講師 元岡 大祐

14:50～15:00

休憩

15:00～15:45

空間トランスクリプトームとタンパク質を合わせた解析(Xenium)最新技術の紹介
..... 10

東京大学大学院 新領域創成科学研究科附属 生命データサイエンスセンター
センター長/教授 鈴木 穰

15:45～16:20

**凍結組織を用いたシングルセル解析 Flex のための細胞分離・核染色プロトコル講習
:講義編** 14

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 講師 山岸 良多

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 特任助教 程 禎

16:20～16:25

おわりに

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学(生理学 第1) 教授 大谷 直子

* 会終了後、ロビーにて交流会(名刺交換会)を開催します

※ 講演の時間は質疑応答を含みます

はじめに

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学(生理学 第1) 教授

おおたに なおこ

大谷 直子

学歴・職歴

- 1988年3月 京都府立医科大学 医学部医学科 卒業
1988年6月 JR大阪鉄道病院 内科臨床研修(消化器内科医員)
1995年3月 京都府立医科大学大学院 医学研究科 博士課程修了 博士(医学)取得
1995年4月 京都府立医科大学 医学部医学科 公衆衛生学教室助手
1998年12月 英国 University of Manchester, Paterson Institute for Cancer Research
Cell cycle group, Post-doctoral fellow
2003年8月 徳島大学ゲノム機能研究センター 講師(2005年2月より助教授)
2008年1月 公益財団法人がん研究会 がん研究所がん生物部 主任研究員
2011年4月 国立研究開発法人 科学技術振興機構 さきがけ研究者 兼任(2016/3まで)
2014年4月 東京理科大学 理工学部 応用生物科学科 教授
2017年4月 大阪市立大学大学院医学研究科 分子生体医学講座 病態生理学 教授
2022年4月～ 大阪公立大学大学院医学研究科 分子生体医学講座 病態生理学 教授
(旧大阪府立大学との合併により、大学名称変更、現在に至る)

学 位 博士(医学)

受賞歴

- 1995年3月 京都府立医科大学 青蓮賞
1997年2月 井上科学振興財団 井上研究奨励賞
2003年12月 上村修三郎がん研究奨励賞
2012年10月 科学研究費審査委員 表彰
2014年6月 第19回 日本女性科学者の会 奨励賞
2017年9月 第1回 日本癌学会女性科学者賞
2022年12月 大阪公立大学 岡村賞(特別賞)
2024年1月 第10回 日本免疫学会 女性免疫研究者賞
2026年2月 令和7年度 高松宮妃癌研究基金学術賞

所属学会 日本医学会連合 理事、日本癌学会 理事、日本がん免疫学会 理事、
日本腸内細菌学会 理事、日本分子生物学会 理事、
日本がん分子標的治療学会 評議員、日本抗加齢医学会 評議員、
日本生理学会 評議員、日本消化器病学会 会員、日本免疫学会 会員、
日本肥満学会 会員、日本肝臓学会 会員

専門分野 腫瘍生物学

主な著書（原著論文等）

1. Yamagishi R, Kamachi F, Nakamura M, Yamazaki S, Kamiya T, Takasugi M, Cheng Y, Nonaka Y, Yukawa-Muto Y, Thuy LTT, Harada Y, Arai T, Loo TM, Yoshimoto S, Ando T, Nakajima M, Taguchi H, Ishikawa T, Akiba H, Miyake S, Kubo M, Iwakura Y, Fukuda S, Chen WY, Kawada N, Rudensky A, Nakae S, Hara E, **Ohtani N.**
Gasdermin D-mediated release of IL-33 from senescent hepatic stellate cells promotes obesity-associated hepatocellular carcinoma.
Science Immunol. 2022 Jun 24;7(72):eabl7209. doi: 10.1126/sciimmunol.abl7209.
2. Loo TM, Kamachi F, Watanabe Y, Yoshimoto S, Kanda H, Arai Y, Nakajima-Takagi Y, Iwama A, Koga T, Sugimoto Y, Ozawa T, Nakamura M, Kumagai M, Watashi K, Taketo MM, Aoki T, Narumiya S, Oshima M, Arita M, Hara E, **Ohtani N.**
Gut Microbiota Promotes Obesity-Associated Liver Cancer through PGE2-Mediated Suppression of Antitumor Immunity.
Cancer Discovery 2017 May;7(5):522-538. doi: 10.1158/2159-8290.CD-16-0932.
3. Yoshimoto S, Loo TM, Atarashi K, Kanda H, Sato S, Oyadomari S, Iwakura Y, Oshima K, Morita H, Hattori M, Honda K, Ishikawa Y, Hara E, **Ohtani N.**
Obesity-induced gut microbial metabolite promotes liver cancer through senescence secretome.
Nature. 2013 Jul 4;499(7456):97-101. doi: 10.1038/nature12347.

公職・その他 学長補佐（2025年4月～）

演題 1. Flex で変わるシングルセル解析：プラットフォームとサンプル調製のご紹介

さとう ゆうじ
佐藤 勇次 10x Genomics Senior Science and Technology Advisor

シングルセル解析技術の進展により、生体内の不均一な細胞集団を1細胞レベルで高精度に解析できるようになりました。これにより、従来のバルク解析では捉えることが難しかった希少細胞集団や細胞間の違いを明らかにでき、生命現象の理解が大きく進展しています。

10x Genomics 社の Chromium シングルセル Flex は、プローブベースのシングルセル解析プラットフォームであり、固定細胞や組織由来サンプルを用いた遺伝子発現解析を可能にします。従来、凍結組織に対してはシングル核解析が中心でしたが、Flex アッセイでは組織を固定後に酵素分散し、細胞として回収することで、より豊富な遺伝子情報や多様な細胞タイプを取得することが可能です。また、FFPE 組織由来サンプルにも対応しており、貴重なアーカイブ検体から生物学的情報を取得できる点も大きな特長です。

本セミナーでは、Chromium シングルセル Flex の基本原理、サンプル調製から解析までのワークフロー、実際の操作のポイントに加え、最新の文献を交えた活用事例について、初心者の方にも分かりやすくご紹介します。

あだち しんや
安達 慎也 ミルテニーバイオテック MACS サービス部 フィールドサポート

シングルセル解析の進展に伴い、高精度かつ再現性の高いデータ取得が求められています。固定組織と新鮮組織の双方を目的に応じて使い分ける必要がある中で、これらを再現性良く単細胞調製するための自動化による標準化が重要な課題となっています。自動化技術は解析の効率化のみならず、サンプルの質の安定化においても重要な役割を果たしています。

近年、固定組織の活用が進む一方で、シングルセル解析後の細胞生物学的機能解析には新鮮組織由来の生細胞が不可欠です。このため、固定・新鮮の双方に対して適切かつ安定したサンプル調製が求められます。

サンプル調製は、細胞の生存率や回収率、遺伝子発現プロファイルに直接影響する最上流工程であり、その質が解析結果の信頼性を左右します。そのためには高い生細胞の回収や解析の邪魔となるデブリの除去が重要です。

本講演では、サンプル調製ワークフローを概説し、手作業によるばらつきや実験者依存性といった課題を整理します。その上で、これらを解決する手段としての自動化に着目し、処理の標準化、再現性の向上、多検体処理の効率化といった利点を紹介します。

演題 2. シングルセル解析と空間トランスクリプトームの統合による組織内多様性の解析

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 助教

えちぜん かなえ
越前 佳奈恵

学歴・職歴

2008年	東京大学理学部生物科学科 卒業
2013年	東京大学・理学系研究科生物化学専攻 博士後期課程 単位取得退学
2013年～2014年	東京大学 分子細胞生物学研究所 分子情報研究分野（秋山徹教授） 特任研究員
2014年～2019年	金沢大学 がん進展制御研究所 腫瘍遺伝学（大島正伸教授） 博士研究員・特任助教
2019年～2021年	出産・育児のため離職
2021年～2022年	京都大学大学院医学研究科 KUMBL 渡辺亮グループ 研究員
2023年～2026年	大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学（大谷直子教授） シニア研究員・特任研究員
2026年～現在	同、助教

学 位 博士（理学）

受 賞 歴 2010年 東京大学大学院理学系研究科研究奨励賞

所属学会 日本癌学会

専門分野 腫瘍生物学

主な著書（原著論文等）

1. **Echizen K**, et al., NF- κ B-induced NOX1 activation promotes gastric tumorigenesis through the expansion of SOX2-positive epithelial cells. *Oncogene* 38:4250–4263, 2019. PMID: 30700829.
2. **Echizen K**, et al., Inflammation in gastric cancer: Interplay of the COX-2/prostaglandin E2 and Toll-like receptor/MyD88 pathways. *Cancer Sci* 107:391–397, 2016.

要 旨

細胞は単独で存在するのではなく、特定の空間的コンテキストの中で機能している。同じ細胞タイプであっても、その存在する位置によって機能や状態が異なる可能性がある。このような背景から、「どの細胞がどこに存在するのか」という情報を統合的に解析することは、細胞間相互作用や組織構造の理解において極めて重要である。

こうした課題に応える技術として、空間トランスクリプトーム解析は、遺伝子発現に位置情報を付加することで、組織内における遺伝子発現分布を直接可視化できる手法として注目されている。近年、さまざまなプラットフォームが開発されており、研究目的に応じて異なる空間解像度や解析スケールを選択することが可能となってきた (1)。

このように多様な解析が可能となる一方で、得られた位置情報をどのように解釈し、活用するかは依然として重要な課題である。本発表では、この「位置情報の活用」という観点から、いくつかの代表的な解析例を紹介する。

具体的には、シングルセル RNA-seq データを参照として用いたデコンボリューション解析により、空間スポットにおける細胞種構成を推定し、組織内の細胞分布などを解釈する手法を解説する。

以上を踏まえ、本講演では、急速に発展している空間トランスクリプトーム解析について、基礎的な解析手法から応用的な解析までを体系的に概説する。特に、プラットフォームの選択、解析パイプライン、ならびに空間情報を活用した解析手法に焦点を当てる。

- (1) Song W, Wang D, Li J, Zhang R. *Spatial transcriptomics: integrating platforms and computational approaches for clinical insights*. *Biotechnology Advances*. 2026;87:108791. doi:10.1016/j.biotechadv.2025.108791.

演題3. シングルセル解析におけるゲノムコアファシリティの活用と解析支援

大阪大学微生物病研究所附属 バイオインフォマティクスセンター
ゲノム解析室 副室長/講師
もとおか だいすけ
元岡 大祐

学歴・職歴

2012年 大阪大学大学院薬学研究科分子薬科学専攻博士後期課程修了
2012年 大阪大学微生物病研究所 特任研究員（常勤）
2016年 大阪大学微生物病研究所 特任助教（常勤）
2020年 大阪大学微生物病研究所 助教
2023年 大阪大学微生物病研究所 講師（～現在）

学 位 博士（薬学）

受賞歴

2022年 大阪大学賞受賞
2023年 文部科学大臣表彰受賞

所属学会 日本細菌学会、日本分子生物学会、日本免疫学会

専門分野 生命情報科学

主な著書（原著論文等）

1. 内藤陽子、元岡大祐、シングルセル解析技術の現状について、*Cytometry Research* 34 (1) : 29 ~ 34, 2024
2. Tabe C and Motooka D et al., The gut microbiota as a potential biomarker in patients with EGFR-mutant lung cancer. *Sci Rep.* 2025
3. Oki H et al., Identification of causative fungus from sterile abscess using metagenomics followed by in situ hybridization. *Access Microbiol.* 2024
4. Maeda Y and Motooka D et al., Longitudinal alterations of the gut mycobiota and microbiota on COVID-19 severity. *BMC Infect Dis,* 2022

要 旨

近年、シングルセル解析技術は生命科学研究において広く用いられるようになり、組織や細胞集団を構成する個々の細胞の多様性、分化状態、細胞間相互作用を高解像度に理解するための重要な解析手法となっている。シングルセル RNA-Seq(scRNA-Seq)は、数千から数万細胞規模の遺伝子発現情報を一度に取得できることから、免疫学、がん研究、発生生物学、感染症研究など幅広い分野で活用されている。また近年では、遺伝子発現解析に加えて、TCR/BCR レパトア解析、細胞表面タンパク質解析、固定化細胞を用いた解析、さらには空間トランスクリプトーム解析など、多様なアプリケーションが展開されている。

本講演では、ゲノムコアファシリティにおける共同利用支援の立場から、シングルセル解析の基本的な考え方と、10x Genomics を中心とした代表的な解析アプリケーションについて概説する。特に、固定化サンプルを用いる Flex については、その概要や特徴、シングルセル解析における活用の可能性について紹介する。また、解析を検討する際のサンプル準備やコアファシリティ利用時の流れについても、実務的な観点から触れる予定である。

さらに、シングルセル解析ではライブラリ調製やシーケンスだけでなく、実験デザイン、サンプル品質、データ解析方針が結果に大きく影響する。本講演では、共同研究・共同利用においてコアファシリティがどのように研究計画の立案、サンプル調製相談、シーケンス条件の設計、一次解析および下流解析支援に関与できるかについても紹介する。シングルセル解析をこれから導入したい研究者、Flex を用いた解析を検討している研究者にとって、実験開始前に確認すべきポイントを整理する機会としたい。

演題4. 空間トランスクリプトームとタンパク質を合わせた解析 (Xenium) 最新技術の紹介

東京大学大学院 新領域創成科学研究科附属 生命データサイエンスセンター
センター長/教授
すずき ゆたか
鈴木 穰

学歴・職歴

- 1994年3月 東京大学理学部化学科卒業
- 1999年3月 東京大学総合文化研究科・博士（学術）
- 1999年4月 理化学研究所ゲノムサイエンスセンターリサーチアソシエイト
- 2000年9月 東京大学医科学研究所・助手
- 2004年4月 東京大学新領域創成科学研究科・准教授
- 2013年7月 東京大学新領域創成科学研究科・教授
- 2024年11月 東京大学大学院新領域創成科学研究科附属生命データサイエンスセンター・教授

学 位 博士（学術）

所属学会 日本癌学会・日本人類遺伝学会・分子生物学会

専門分野 ゲノム医科学

主な著書（原著論文等）

1. Nagasawa S, Kajiya K, Ishikawa E, Kanai A, Suzuki A, Motoyoshi A, Iwatani T, Kubota M, Nakamura M, Onishi T, Hoshino A, Maeda I, Morozumi A, Takatsuka K, Koike J, Seki M, Tsugawa K, **Suzuki Y.**
Spatial gene expression analysis reveals drivers of extremely early lymph node metastasis in breast cancer.
NPJ Breast Cancer. 2026 Jan 23;12(1):28. doi: 10.1038/s41523-026-00897-1.PMID: 41578129
2. Kunigo K, Nagasawa S, Kajiya K, Sakamoto Y, Zaha S, Kuze Y, Kanai A, Nomura K, Tsuboi M, Ishii G, Motoyoshi A, Tsugawa K, Chosokabe M, Koike J, Suzuki A, **Suzuki Y,** Seki M.
Targeted long-read methylation analysis using hybridization capture suitable for clinical specimens.
Cell Rep Methods. 2025 Nov 17;5(11):101215. doi: 10.1016/j.crmeth.2025.101215. Epub 2025 Nov 3. PMID: 41187747

3. Kiguchi Y, Hamamoto N, Kashima Y, Runtuwene LR, Ishizaka A, Kuze Y, Enokida T, Tanaka N, Tahara M, Kageyama SI, Fujisawa T, Yamashita R, Kanai A, Tuda JSB, Mizutani T, Suzuki Y. Giant extrachromosomal element "Inocle" potentially expands the adaptive capacity of the human oral microbiome.
Nat Commun. 2025 Aug 11;16(1):7397. doi: 10.1038/s41467-025-62406-5.PMID: 40790024
4. Yamagishi M, Kuze Y, Kobayashi S, Nakashima M, Morishima S, Kawamata T, Makiyama J, Suzuki K, Seki M, Abe K, Imamura K, Watanabe E, Tsuchiya K, Yasumatsu I, Takayama G, Hizukuri Y, Ito K, Taira Y, Nannya Y, Tojo A, Watanabe T, Tsutsumi S, Suzuki Y, Uchimaru K., Mechanisms of action and resistance in histone methylation-targeted therapy.
Nature. 2024 Mar;627(8002):221-228.
5. Seki M, Kuze Y, Zhang X, Kurotani KI, Notaguchi M, Nishio H, Kudoh H, Suzaki T, Yoshida S, Sugano S, Matsushita T, Suzuki Y.
An improved method for the highly specific detection of transcription start sites.
Nucleic Acids Res. 2024 Jan 25;52(2):e7.

要 旨

本講演では、がんの微小異質性を理解するための最新の空間分析プラットフォームについて紹介したい。特に、腫瘍細胞とその微小環境との相互作用は、腫瘍進展において重要な役割を果たすと考えられている。今回、演者らが試みた非浸潤期とそれ以降の浸潤期を含む様々な病期の肺腺がん患者 50 人から得られた空間的 RNA プロファイルの解析を例にあげたい。これらのサンプルについて、Xenium を用いた空間トランスクリプトーム解析を行った。各症例の精査とデータ解析から、腫瘍細胞の表現型の劇的な変化は、免疫細胞との相互作用によって頻繁に引き起こされることが明らかになった。この現象は、一連の細胞発現プログラムの誘導と一致し、腫瘍細胞を形質転換させ、免疫細胞のバリアーを突破することを可能にすると考えられた。肺腫瘍がその微小環境内での相互作用を通してどのように発達していくのか、実際の特徴を示していると考えている。さらにこれらの試行的解析から得られた解析技術基盤を用いて、Unmet needs の解消を目指して、現在、難治がんの解析にも取り組んでいる。これまでに large cell neuroendocrine cancer (LCNEC) について 34 症例の空間解析を完了している。その解析結果についてもあわせて紹介したい。

また空間解析プラットフォームの急速な進歩についても最新の情報を共有したい。空間解析をマルチオミクス層に拡大することが可能になった。PhenoCycler を用いた多重免疫組織化学分析により、観察された遺伝子発現がどのように変化しているかが明らかになりつつある。さらに空間 ATAC 解析も可能になりつつある。昨年登場した ROCHE の新型シーケンサー SBX はその圧倒的なデータ産生量で再びシーケンスを基盤とした空間解析を活性化している。これら多様なプラットフォームから産生されるオミクスデータについてのデータ解析、またその統合による計算機モデルを構築する試みについてもあわせて論じたい。

演題 5. 凍結組織を用いたシングルセル解析 Flex のための細胞分離・核染色プロトコル講習：講義編

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 講師 ^{やまぎし りょうた} 山岸 良多

大阪公立大学大学院医学研究科 病態生理学 特任助教 ^{てい い} 程 禕

山岸 良多

学歴・職歴

2015年3月 名古屋市立大学大学院 薬学研究科 博士課程後期修了
2015年4月 名古屋市立大学大学院 薬学研究科 研究員
2016年4月 愛知県がんセンター研究所 リサーチレジデント
2017年10月 大阪市立大学大学院 医学研究科 助教
2022年4月 大阪公立大学大学院 医学研究科 助教
2023年10月 大阪公立大学大学院 医学研究科 講師

学 位 博士 (薬学)

受賞歴

2021年9月 The APASL Single Topic Conference 2021 in Osaka, Young Investigator Award
2022年12月 大阪公立大学若手研究者奨励賞 南部陽一郎記念若手奨励賞
2023年3月 大阪公立大学医学部長賞(優秀賞)
2023年9月 日本癌学会奨励賞

所属学会 日本癌学会、日本がん分子標的治療学会、日本肝臓学会

専門分野 腫瘍生物学

主な著書 (原著論文等)

1. Yamagishi R et al., Concerted action of ataxin-2 and PABPC1-bound mRNA poly(A) tail in the formation of stress granules, *Nucleic Acids Res.* 2024 Aug 27;52(15):9193-9209.
2. Yamagishi R et al., Gasdermin D-mediated release of IL-33 from senescent hepatic stellate cells promotes obesity-associated hepatocellular carcinoma. *Science Immunology* 2022 Jun 24;7(72):eabl7209.
3. Yamagishi R et al., The STAR protein QKI-7 recruits PAPD4 to regulates post-transcriptional polyadenylation of target mRNAs. *Nucleic Acids Res* 2016 44:2475-90.

程 禕

学歴・職歴

2010～2014年 名古屋大学大学院医学系研究科

2014～2018年 大阪大谷大学薬学部

2018年～現在 大阪公立大学大学院医学研究科

学 位 博士 (医学)

受 賞 歴 2021年 名古屋大学学術奨励賞

所属学会 日本癌学会

専門分野 ライフサイエンス/腫瘍生物学/病態生理学

主な著書 (原著論文等)

1. **Yi Cheng**, Chie Watanabe , Yusuke Ando , Satoshi Kitaoka , Yuya Egawa , Tomoya Takashima , Akihiro Matsumoto , Masahiro Murakami. Caco-2 Cell Sheet Partially Laminated with HT29-MTX Cells as a Novel In Vitro Model of Gut Epithelium Drug Permeability. *Pharmaceutics*. 2023 Sep 18;15(9):2338.
2. **Yi Cheng**, Ryota Yamagishi, Yoshiki Nonaka, Misako Sato-Matsubara, Norifumi Kawada, and Naoko Ohtani. Non-heat-stressed Method to Isolate Hepatic Stellate Cells from Highly Steatotic Tumor-bearing Liver Using CD49a. *Cellular and Molecular Gastroenterology and Hepatology*. 14(4):964-966.e9. 2022.
3. **Yi Cheng**, Hideyuki Takeuchi, Yoshifumi Sonobe, Shijie Jin, Yue Wang, Hiroshi Horiuchi, Bijay Parajuli, Jun Kawanokuchi, Tetsuya Mizuno, Akio Suzumura. Sirtuin 1 attenuate oxidative stress via upregulation of superoxide dismutase 2 and catalase in astrocytes. *Journal of Neuroimmunology*. 269(1-2):38-43, 2014.

要 旨

【背景】

近年、シングルセル解析は疾患メカニズム解明に不可欠な技術となっています。しかし、その解析精度は入力するサンプルの品質に大きく依存するため、「高品質なサンプル調製」が研究成果の信頼性を左右する最も重要なステップとなります。

本講習では、10x Genomics 社の Chromium Single Cell Gene Expression Flex (Flex 法) によるサンプル調整を実施します。Flex 法は、組織採取直後の固定により生体内の転写状態を忠実に保存し、従来の生細胞解析における時間的制約や解離ストレスによるノイズ (Artifact) を最小限に抑えられる画期的な手法です。本講習を通じて、高度な組織微小環境解析を実現するための基盤技術を習得することを目指します。

【実習目的】

本実習は、凍結組織を用いたシングルセル解析 (Flex 法) に向けた実践的なサンプル調製技術の習得を目的とします。1日目の「講義編」では、座学にて技術的背景、プロトコルの詳細、ならびに実験時の注意点について学びます。2日目の「実技編」では、実際に肝臓組織を用いたサンプル調製を行い、凍結組織のハンドリングから細胞の単離に至るまでの一連の技術的ポイントやトラブルシューティングについて、実践を通じて習得します。

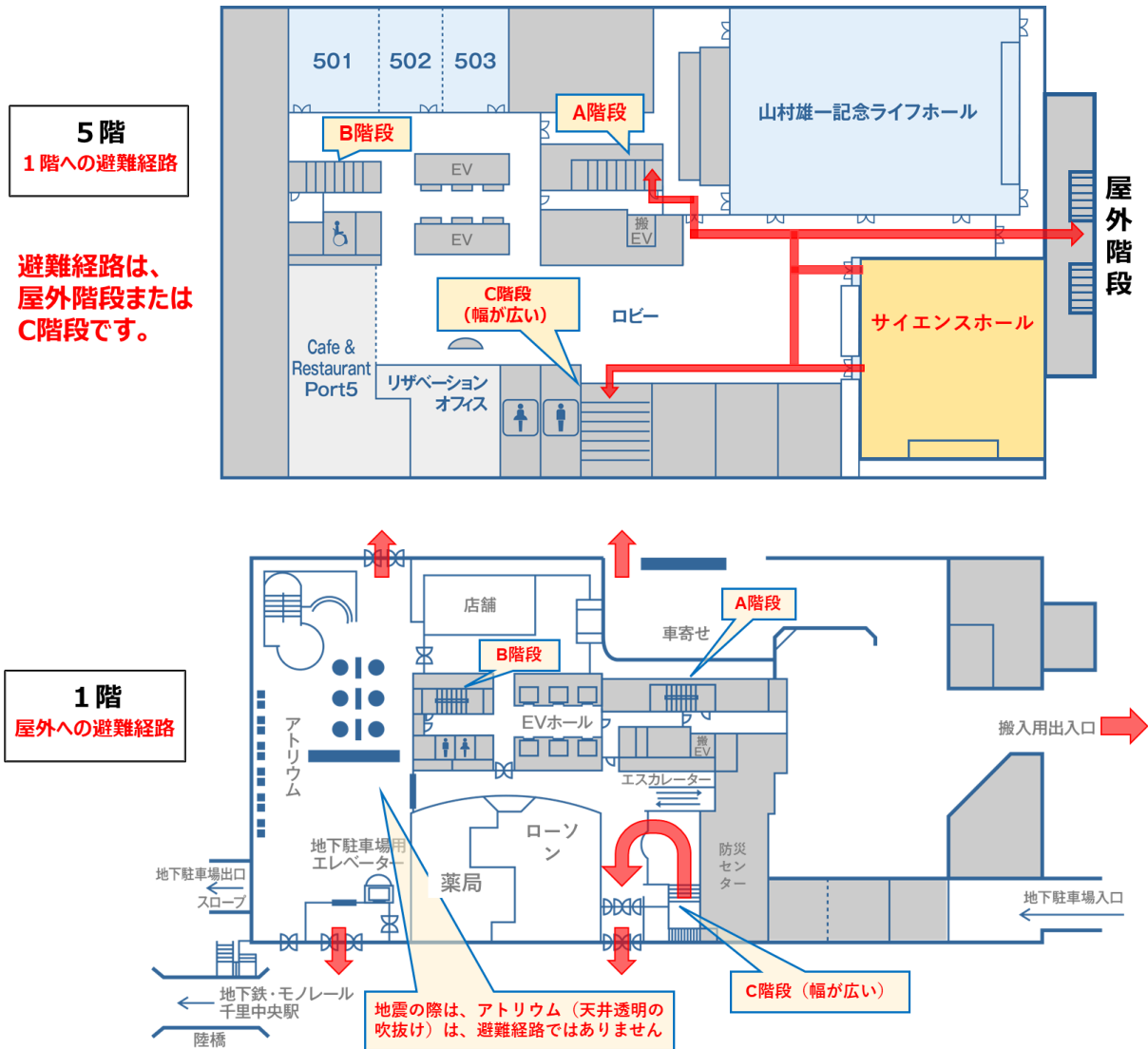
【実習プログラム：4つの技術ステップ】

1. 凍結組織の分割と固定：組織の完全性を維持するための適切なハンドリングと、固定条件の最適化。
2. 細胞・核の単離と試薬調製：酵素処理およびバッファー組成の最適化による、夾雑物の少ない高純度なサンプル調製。
3. 細胞カウントと DAPI 染色による品質評価：正確な細胞 (核) 数の計測と、染色による核のダメージ・クオリティの確認手法。
4. 解析用サンプルの保存処理：解析データの再現性を担保するための、適切な保存・凍結技術の習得。

【到達目標】

本実習を通じて、凍結組織を用いたシングルセル解析に必要な一連のワークフローを自立して遂行できるスキルを習得し、実際の研究現場で再現性の高いデータ取得を実現することを目指します。

<<技術講習会開催時の防災対応について>>



- ✓ 地震・火災等の非常時には、当ビルの“防災センター（1階）”と協力し、状況を確認の上、万一、避難が必要な場合はご案内いたします。お席を離れず、落ち着いて係員の指示をお待ちください。
- ✓ 避難の際には、エレベーター／エスカレーターは使用せず、階段をご使用ください。
- ✓ 当ビルは、建築基準法の新耐震基準に対応しています。



【技術講習会 第75回「技術講習」アンケートのお願い】

終了後に届くメールか、左記二次元バーコードからのアクセスサイトのいずれかより、必ずご回答いただきますよう、お願いいたします。

(回答期限：2026年6月9日、12時)

公益財団法人 千里ライフサイエンス振興財団
〒560-0082 大阪府豊中市新千里東町1-4-2
千里ライフサイエンスセンタービル20階
TEL：06-6873-2006 FAX：06-6873-2002
E-mail：tech-sem@senri-life.or.jp
URL：https://www.senri-life.or.jp/