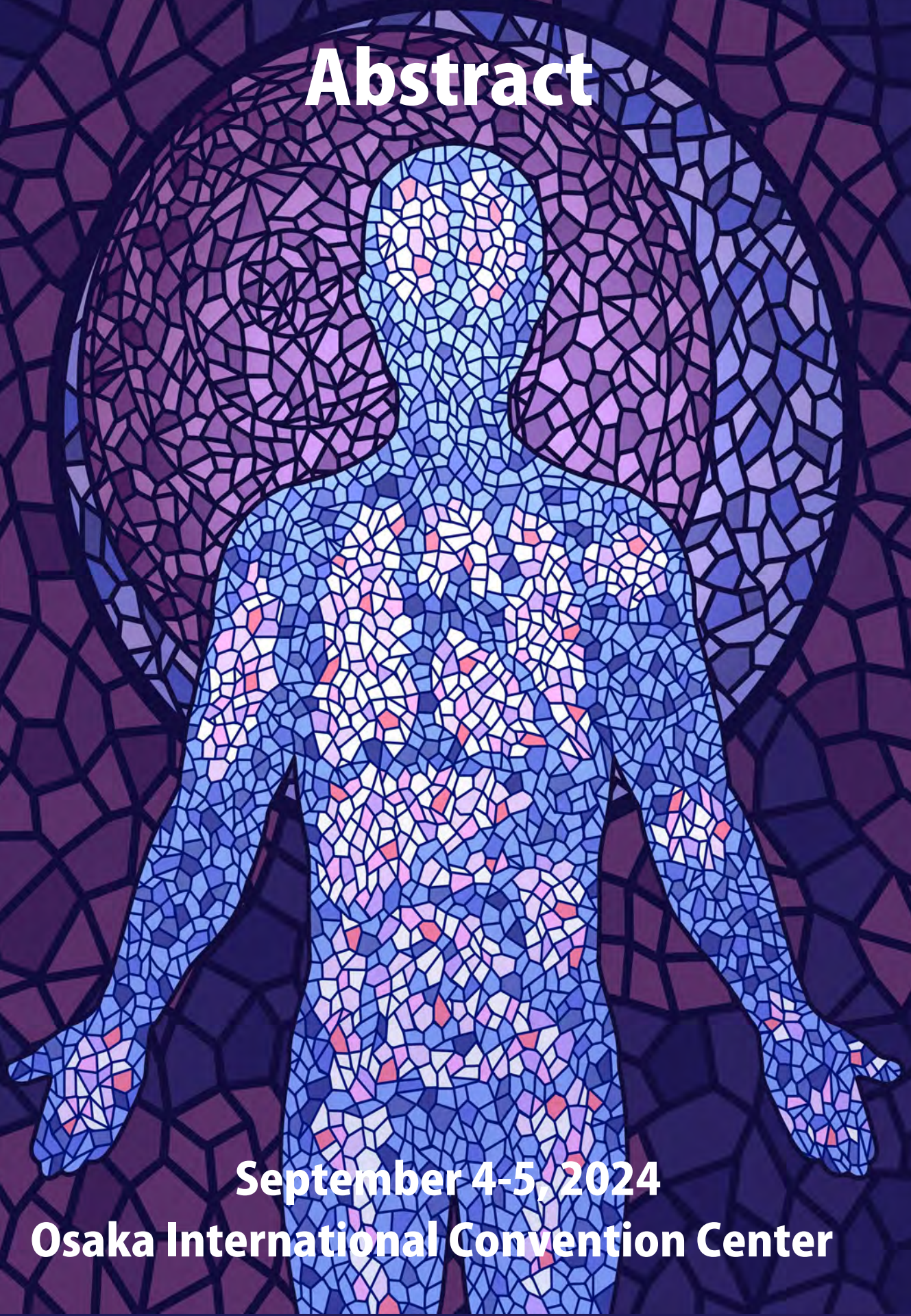


NGS EXPO 2024

Abstract



September 4-5, 2024

Osaka International Convention Center

NGS EXPO 2024 要旨集

大阪国際会議場
2024 年 9 月 4 日~5 日

主催
NGS EXPO 実行委員会
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

目次

ごあいさつ	3
タイムテーブル	4
出展企業・ブース案内	6
招待講演	9
・ 基調講演	10
・ テクニカルセミナー	12
・ 招待講演	14
一般講演	19
協賛企業セミナー	24
ポスターセッション	38
協賛企業広告	97

ごあいさつ

NGS EXPO を今年も無事開催できることとなりました。講演を引き受けてくださった先生方、協賛企業、参加者の皆様に厚くお礼申し上げます。

本会は、通常の学会と少し赴きを変えて、最先端の学問探究というよりもむしろ技術的な側面にウエイトを置いて、新技術の紹介やノウハウの共有を主目的としております。これから NGS を始められる方、現在使っているがより良い手法を探している方に有益な情報を提供できるよう、技術セミナーや協賛企業セミナーに力をいれております。まだまだ試行錯誤ですが、肩肘張らず気楽に楽しめる会を目指しております。

今年の試みとして「ブース訪問スタンプラリー」を企画してみました。いろいろ問題はあるかと思いますが、まずは参加してみてください。そして最後のアンケートに感想をお願いします。協賛企業と参加者の双方からの支持が得られれば、今後も継続していきたいと思います。

2 日間という短い時間になるべく多くの話題を詰め込んでおります。

駆け足で、かつまったりとお楽しみください！

NGS EXPO 大会長

大阪大学免疫学フロンティア研究センター

大倉永也



提供: (公社)2025 年日本国際博覧会協会

NGS EXPO は 2025 大阪万博を応援しております！

タイムテーブル

NGS EXPO 2024 第一日目 (9月4日)				
時刻	プログラム	座長	時間	講演者
9:00	9:20 開会挨拶			
	9:25 招待講演 1	小口 綾貴子	9:25-9:40	加藤 愛巳 (東京大学)
			9:40-9:55	内藤 尚道 (金沢大学)
			9:55-10:10	中溝 聡 (京都大学)
10:00	10:10 協賛企業セッション 1	奥崎 大介	10:10-10:30	プライムテック株式会社 / Vizgen
			10:30-10:40	SPT Labtech Japan株式会社
	10:40 ブース訪問 (20分)			
11:00	11:00 テクニカルセミナー 1	尾崎 遼	11:00-11:15	Diego Diez (大阪大学)
			11:15-11:30	岡田 寛之 (東京大学)
			11:30-11:45	瀬尾 茂人 (大阪大学)
	12:00	11:45 協賛企業セッション 2	元岡 大祐	11:45-12:05
12:05-12:15				富士フイルム和光純薬株式会社
12:15-12:25				住商ファーマインターナショナル株式会社
12:25 休憩 (10分)				
13:00	12:35 ランチョンセミナー 1	後藤 直久	12:35-12:55	アジレント・テクノロジー株式会社
			12:55-13:15	トミーデジタルバイオロジー株式会社
	13:15 休憩 (15分)			
	13:30 基調講演 1	大倉 永也	13:30-14:00	鈴木 絢子 (東京大学)
14:00	14:00 協賛企業セッション 3	竹内 大貴	14:00-14:20	バイオストリーム株式会社 (1)
			14:20-14:30	ベックマン・コールター株式会社
	14:30 ブース訪問 (25分)			
15:00	14:55 一般講演 1	村上 真理 瀬尾 茂人	14:55-15:05	P01 太田 聡史 (理化学研究所)
			15:05-15:15	P03 岡田 寛之 (東京大学)
			15:15-15:25	P06 本田 晃誠 (広島大学)
			15:25-15:35	P15 久保 直樹 (大阪大学 微生物病研究所)
			15:35-15:45	P17 Alexis Vandenbon (Kyoto University)
			15:45-15:55	P19 梶谷 卓也 (福井大学)
15:55 休憩 (10分)				
16:00	16:05 招待講演 2	大倉 永也 川崎 純菜	16:05-16:20	石川 雅人 (京都大学)
			16:20-16:35	梶下 紘貴 (東京大学)
			16:35-16:50	大倉 永也 (大阪大学)
17:00	16:50 協賛企業セッション 4	奥崎 大介	16:50-17:10	株式会社スクラム /10x Genomics Japan
			17:10-17:20	セルシグナリングテクノロジー・ジャパン株式会社
			17:20-17:30	bitBiome株式会社
18:00	17:30 ポスターセッション (奇数番号) & ブース訪問			
	18:30 意見交換会			

タイムテーブル

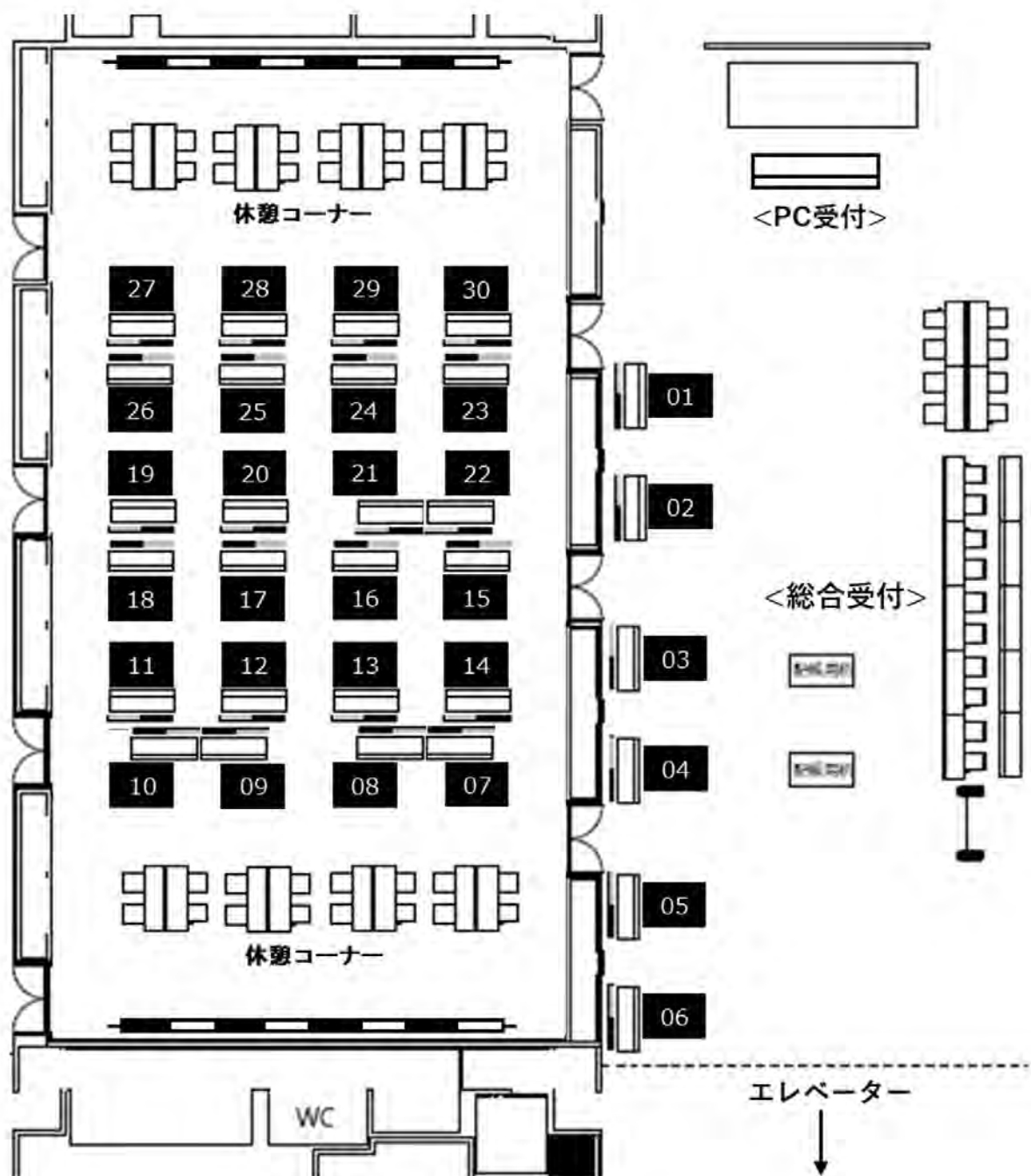
NGS EXPO 2024 第二日目 (9月5日)				
時刻	プログラム	座長	時間	講演者
9:00	9:10 テクニカルセミナー 2	瀬尾 茂人	9:10-9:25	尾崎 遼 (筑波大学)
			9:25-9:40	東 光一 (国立遺伝学研究所)
	9:40 協賛企業セッション 5	竹内 大貴	9:40-9:50	株式会社スクラム
			9:50-10:00	株式会社ジーンバイ
10:00	10:00-10:10 Nanostring – A Bruker Company / Visualix			
	10:10 ブース訪問 (25分)			
	10:35 一般講演 2	村上 真理 尾崎 遼	10:35-10:45	P25 市川 巧 (理化学研究所)
			10:45-10:55	P41 川越 凜 (東京医科歯科大学難治疾患研究所)
10:55-11:05			P44 荒瀬 充 (大阪大学)	
11:05-11:15			P46 幾代 藍 (東京理科大学)	
11:00	11:15-11:25		P47 蔭平 陽葉 (東邦大学)	
			P48 山崎 将太郎 (大阪大学)	
	11:35 協賛企業セッション 6	元岡 大祐	11:35-11:55	アゼンタ株式会社
			11:55-12:05	株式会社ナベ インターナショナル
12:00	12:05 休憩 (10分)			
	12:15 ランチョンセミナー 2	奥崎 大介	12:15-12:35	Yourgene Health (Singapore) Pte Ltd.
			12:35-12:55	日本ベクトン・ディッキンソン株式会社
	12:55 休憩 (15分)			
13:00	13:10 基調講演 2	大倉 永也	13:10-13:40	小口 綾貴子 (理化学研究所)
			13:40 協賛企業セッション 7	竹内 大貴
	14:00	14:10 ポスターセッション (偶数番号) & ブース訪問		
15:00	15:10 招待講演 3	後藤 直久	15:10-15:25	郷 康広 (兵庫県立大学)
			15:25-15:40	麻生 啓文 (東京医科歯科大学)
			15:40-15:55	宮本 佑 (大阪大学)
	15:55 休憩 (10分)			
16:00	16:05 招待講演 4	川崎 純菜 元岡 大祐	16:05-16:20	小嶋 将平 (理化学研究所)
			16:20-16:35	曾 超 (早稲田大学)
			16:35-16:50	細田 至温 (早稲田大学)
			16:50-17:05	川崎 純菜 (千葉大学)
17:00	17:05 ベストプレゼンテーション賞表彰			
	17:10 閉会挨拶			

出展企業・展示ブース番号一覧（敬称略）

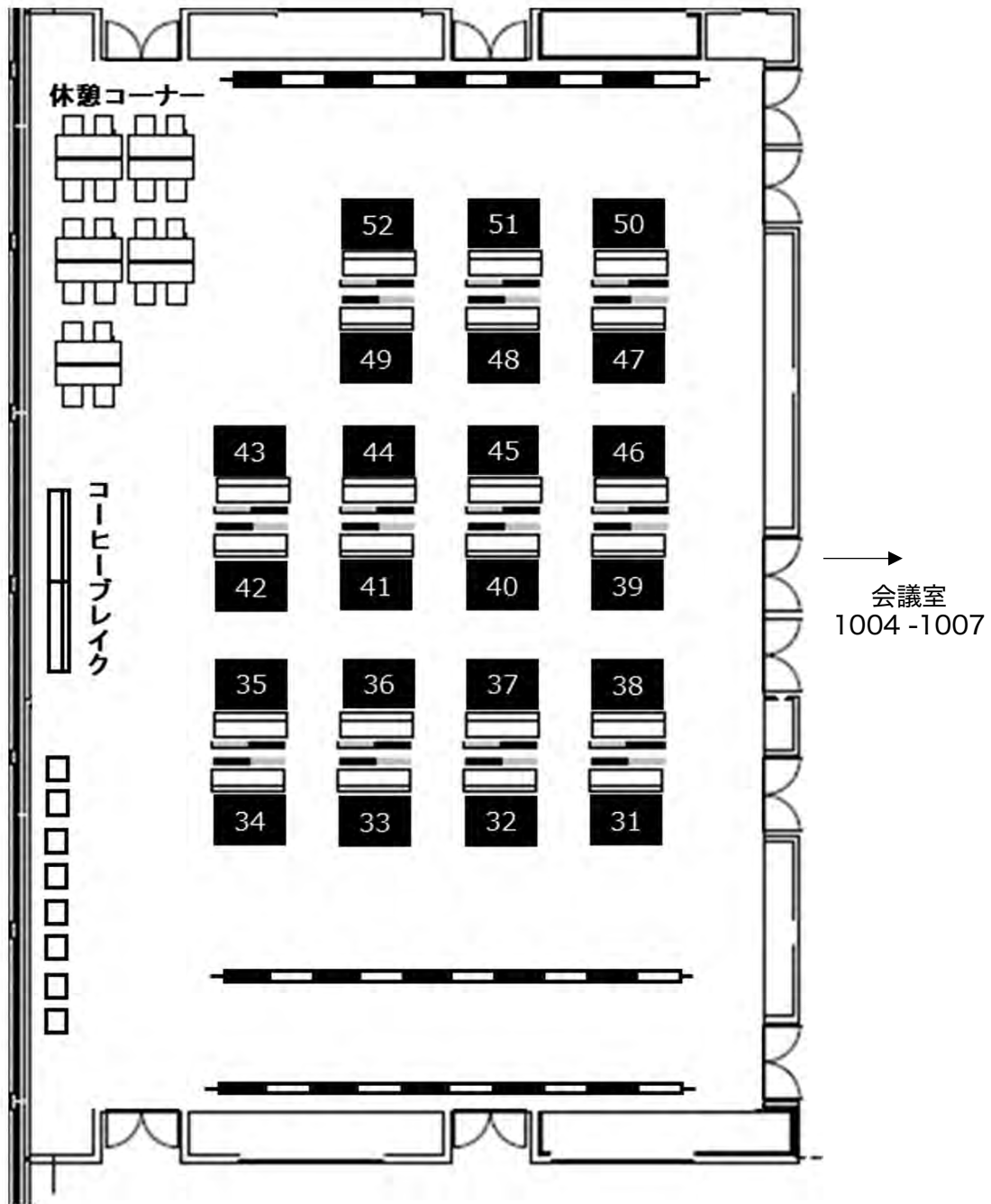
- | | |
|---|--|
| 01 アジレント・テクノロジー株式会社 | 02 トミーデジタルバイオロジー株式会社 |
| 03 日本ベクトン・ディッキンソン株式会社 | 04 Yourgene Health (Singapore) Pte Ltd |
| 05 バイオストリーム株式会社 | 06 バイオストリーム株式会社 |
| 07 フォーミュラトリクス | 08 フォーミュラトリクス |
| 09 株式会社キアゲン | 10 株式会社キアゲン |
| 11 富士フイルム和光純薬株式会社 | 12 アゼンタ株式会社 |
| 13 プライムテック株式会社/Vizgen | 14 プライムテック株式会社/BioSkryb Genomics |
| 15 株式会社スクラム/10x Genomics Japan | 16 株式会社スクラム |
| 17 ミルテニーバイオテック株式会社 | 18 SPT Labtech Japan 株式会社 |
| 19 セルシグナリングテクノロジー・ジャパン株式会社 | |
| 20 ベックマン・コールター株式会社 | |
| 21 タカラバイオ株式会社 | 22 タカラバイオ株式会社 |
| 23 株式会社ナベ インターナショナル | 24 株式会社ジーンベイ |
| 25 Nanostring - A Bruker Company/Visualix | 26 住商ファーマインターナショナル株式会社 |
| 27 Cytiva | 28 メトラー・トレド(株) レイニン事業部 |
| 29 東洋紡株式会社 | 30 bitBiome 株式会社 |
| 31 NT サイエンス合同会社 | 32 フィルジェン株式会社 |
| 33 アズワン株式会社/Singleron Biotechnologies | |
| 34 株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジー | |
| 35 アメリエフ株式会社 | 36 株式会社プロテインテック・ジャパン |
| 37 バイオ・ラッド・ラボラトリーズ株式会社 | 38 ノボジーン株式会社 |
| 39 プロメガ株式会社 | 40 水戸工業株式会社 |
| 41 株式会社レビティジャパン/Revvity Inc. | 42 株式会社マクロジェン・ジャパン |
| 43 日本ジェネティクス株式会社 | 44 HaploX JAPAN 株式会社 |
| 45 株式会社 ASTRIDE/Basepair | 46 Longlight Technology Co., Ltd |
| 47 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 | |
| 48 株式会社羊土社 | 49 株式会社ダナフォーム |
| 50 NGS お悩み相談室 | 51 NGS お悩み相談室 |
| 52 先進ゲノム支援 | |

ブース出展レイアウト

< メインホワイエおよび会議室 1004~1007 >



< 会議室 1008・1009 >



招待講演

基調講演 1: 9 月 4 日 13:30 - 14:00

鈴木 絢子 (東京大学)

基調講演 2: 9 月 5 日 13:10 - 13:40

小口 綾貴子 (理化学研究所)

テクニカルセミナー1: 9 月 4 日 11:00 - 11:45

Diego Diez (大阪大学)

岡田寛之 (東京大学)

瀬尾茂人 (大阪大学)

テクニカルセミナー2: 9 月 5 日 9:10 - 9:40

尾崎遼 (筑波大学)

東 光一 (国立遺伝学研究所)

招待講演 1: 9 月 4 日 9:25 - 10:10

加藤 愛巳 (東京大学)

内藤 尚道 (金沢大学)

中溝 聡 (京都大学)

招待講演 2: 9 月 4 日 16:05 - 16:50

石川 雅人 (京都大学)

梶下 紘貴 (東京大学)

大倉 永也 (大阪大学)

招待講演 3: 9 月 5 日 15:10 - 15:55

郷 康広 (兵庫県立大学)

麻生 啓文 (東京医科歯科大学)

宮本 佑 (大阪大学)

招待講演 4: 9 月 5 日 16:05 - 17:05

小嶋 将平 (理化学研究所)

曾 超 (早稲田大学)

細田 至温 (早稲田大学)

川崎 純菜 (早稲田大学)

基調講演 1

9 月 4 日 13:30 - 14:00

がんとかん微小環境研究の新展開に向けたオミクス解析

演者：鈴木絢子

所属：東京大学大学院新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻 メディカルオミクス分野

近年の大規模解析技術における目覚ましい発展と普及を受けて、がんをはじめとしたさまざまな研究分野でシングルセル・空間トランスクリプトーム技術といったオミクス解析技術が応用されている。我々の研究グループでは、こうした技術を駆使して、がん細胞が周囲の細胞と形成する細胞社会において、がんの進展に伴ってその分子ステータスをどのように変化させていくのかを、ゲノム・エピゲノム・トランスクリプトームレベルで研究している。本発表では、最新のオミクス解析技術の動向についてアップデートしつつ、がんのオミクス研究について肺がんの解析を例に紹介したい。

基調講演2

9月5日 13:10 - 13:40

遺伝子発現解析のその先へ

ー シングルセル RNA-seq データを活かしきろう ー

演者：小口 綾貴子

所属：理化学研究所 IMS 理研-IFOM がんゲノミクス連携研究チーム

近年の技術革新に伴い、シングルセル RNA-seq 解析はより身近な技術になってきました。ただ、多くの人は遺伝子発現解析としての利用で終わっているのではないのでしょうか。本講演では、シングルセル RNA-seq を用いて、転写開始点解析、延いては遺伝子発現制御解析を行う方法を中心にお話します。今は沢山のデータに溢れていますが、そこからどうやって病気の理解に繋げていくのか、我々の最近の研究も交えて議論できたらと思います。

テクニカルセミナー 1
9月4日 11:00 - 11:45

空間トランスクリプトミクスデータの解析法

演者：Diego Diez
所属：大阪大学免疫学フロンティア研究センター

空間トランスクリプトミクス技術は、実験的および計算的手法の進歩に伴いますます注目されている。この講演では、空間トランスクリプトミクスの解析の基本的および高度な解析方法について説明する。さらに、プラットフォーム間の違いや結果の解釈における困難点について紹介する。

面倒なシングルセル解析は ChatGPT にやらせよう

演者：岡田寛之
所属：東京大学医学系研究科

バイオリジストは見えないものを見ようとすることに注力すべきだ。しかし近年 publication quality 要求水準が過当に高まり、見せることに過剰な労力を割く必要がある。講演者の iSCseq 研究や Practical compass 論文(Curr Osteo Rep 2023)をもとにした解析ワークショップの実例を通して、情報科学のバックグラウンドを持たないバイオリジストから見た ChatGPT の使いどころを解説する。

AI 時代のデータ解析プログラミング

演者：瀬尾茂人
所属：大阪大学 大学院情報科学研究科 バイオ情報工学専攻

ChatGPT 等の生成 AI により自然言語でプログラミングができるようになりました。そして、それを使いこなすためにはシステムとのコミュニケーション能力が重要です。本セミナーでは、生成 AI への的確な指示を出すために必要な前提知識や、生成されたプログラムを修正するためのデバッグの技法について紹介します。

テクニカルセミナー 2

9月5日 9:10 - 9:40

シングルセル RNA-seq データ解析のアップデート 2024

演者：尾崎遼

所属：筑波大学 医学医療系 バイオインフォマティクス研究室/人工知能科学センター

実験技術だけでなくデータ解析手法もどんどん進化し、知識のアップデートが欠かせません。この講演では、2024 年のシングルセル RNA-seq データ解析手法についてわかりやすくお伝えします。応用例や今後の展望も取り上げ、シングルセル解析の重要性と活用法を紹介します。シングルセル RNA-seq データ解析の理解が深まり、研究に役立てていただけることを目指します。お楽しみに！

先進ゲノム解析研究推進プラットフォームの支援活動紹介

演者：東 光一

所属：国立遺伝学研究所

「先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム」では、ゲノム科学の発展に不可欠な最先端のゲノム解析及び情報解析のシステムを整備し、支援対象課題へのサポートを行っています。本発表では、プラットフォームにおけるゲノム解析支援と情報解析支援の概要について解説するとともに、情報解析支援の取り組みの一環として実施しているオンライン情報解析講習会について紹介します。

招待講演 1：シングルセルのための細胞（核）調整

9月4日 9:25 - 10:10

臨床検体を用いたシングルセル解析・空間オミックス解析における工夫と応用

演者：加藤愛巳

所属：東京大学 医学系研究科

臨床検体から良質なシングルセルデータ（空間オミックスデータ）を得るのは簡単ではありません。我々は、検体保存・細胞（核）抽出・シングルセルライブラリ作成・空間オミックスデータ取得・解析において、色々な手法を比較検討して現時点での最善の手法を構築してきました。これらの試行錯誤のプロセスから得られた結果とその応用例までお話しできればと思っています。

血管を標的とした細胞分離とシングルセル解析

演者：内藤尚道

所属：金沢大学 血管分子生理学

血管は、周囲の細胞と相互作用することで組織の微小環境を構築する。本発表では、組織中で存在比率が多くはない血管内皮細胞を分離し、周囲の細胞との相互作用を解析する上での工夫を、実践例を基に紹介する。

皮膚の細胞分散がシングルセル解析に与える影響

演者：中溝 聡

所属：京都大学 皮膚科・先端医療基盤共同研究講座

皮膚は外的刺激から体を守るため、丈夫であり、1細胞懸濁液を作成するのが困難な臓器の一つである。それを反映しさまざまな方法で皮膚は処理されているが、皮膚の処理方法により分離できる細胞腫、遺伝子発現は変化する。Methodの何がどのように影響するのかをデータとともに紹介する。

招待講演 2: 新技術・新ツール

9月4日 16:05 - 16:50

摂動後の発現ダイナミクスに基づく遺伝子制御ネットワーク推定

演者：石川 雅人

所属：京都大学医生物学研究所

CRISPR/Cas9 システムと 1 細胞 RNA-seq を組み合わせた 1 細胞 CRISPR 法により、多数の遺伝子をそれぞれノックアウトにより摂動した後のトランスクリプトームデータを 1 細胞レベルで得ることができる。我々は、このようなデータに基づいて遺伝子制御ネットワークを高精度に推定する手法である RENG を開発した。本講演では、RENG の仕組みや 1 細胞 CRISPR データを解析する際の注意点について紹介する。

発生過程における核内ゲノム空間動態解析

演者：梶下 紘貴

所属：東京大学薬学系研究科

近年、遺伝子発現において核内空間制御が主要な役割を果たすことが明らかになっているが、一方で核内においてそれぞれの染色体座が空間的にどのように配置されるか、またその生物学的な意義についての知見は限られている。我々はシングルセル Hi-C データを元に独自の手法で三次元ゲノム再構築を行い、発生過程でのゲノムワイドな染色体動態を解析している。本発表では初期胚や脳の発生に伴う染色体三次元構造の変化について最新の知見を紹介する。

DNA メチル化情報を利用した、癌免疫療法のバイオマーカー開発

演者：大倉永也

所属：大阪大学免疫学フロンティア研究センター

現在私たちは、新しい癌免疫療法として抗 CCR8 抗体の実用化を目指しています。しかし残念ながら癌免疫療法は全ての癌患者に有効とは考えられず、事前に有効性を判断する何らかのツール（バイオマーカー）が必要です。様々なパラメータを検証したところ、この薬効推定には癌組織内免疫環境の全体像取得が有効でした。そこで病理診断で作製されたパラフィン包埋切片の残りから組織全体のゲノム DNA を回収し、DNA メチル化情報から癌浸潤免疫担当細胞の構成を予測するツールの開発を試みました。本会ではこのツールを実際の臨床検体に適用し、癌切除後の予後予測、有効性推定を試みた結果を紹介します。

招待講演 3: シングルセルのための細胞（核）調整 & 空間解析・AI・イメージング
9月5日 15:10 - 15:55

神経科学におけるシングルセル解析のための細胞および細胞核調整チップス

演者：郷 康広

所属：兵庫県立大学 情報科学研究科/生理学研究所

神経科学分野において対象となる脳神経系の細胞は、その特性上、細胞刺激に応答し迅速かつ一過的に活性化される最初期遺伝子群（immediate early genes）の発現が認められる。また、サンプル調整時における細胞への人為的なストレス負荷によっても発現が誘導されることが知られている。それら人為的なノイズをどのようにしたら軽減できるか、事例も交えいくつかのチップスを紹介する。

テンソル分解で挑む多次元シングルセルデータマイニング

演者：麻生 啓文

所属：東京医科歯科大学 M&D データ科学センター AI システム医科学分野

異なる実験条件の検体から得られたシングルセルのデータは、すでに細胞×特徴量×条件の3つの軸を持つ複雑なデータ構造をしている。さらに実験条件が複雑になると4軸以上を取り扱うことになり、その解析および生物学的な解釈は非常に難しい。本講演ではウイルス感染細胞のシングルセルデータを解析した経験をもとに、複雑な構造を持つシングルセルデータの解析方法を紹介する。

生体イメージングとオミックス解析で解き明かす肝臓免疫システムの時空間制御

演者：宮本 佑

所属：大阪大学 免疫学フロンティア研究センター

本発表者は肝臓内の特徴的な組織構造に興味を持ち、空間トランスクリプトーム、1細胞トランスクリプトーム、生体イメージングを活用して組織内の位置と各種免疫細胞の機能をリンクさせて解析を行ってきた。本発表では、肝臓内の各領域で免疫細胞がどのように働いており、臓器・生体の健康を維持しているのかについて最新の解析結果を紹介する。

見逃されてきた多型を全ゲノムデータから見つける技術開発と、疾患の遺伝要因の解明

演者：小嶋 将平

所属：理化学研究所

ヒトゲノムの大規模シーケンスは、疾患の遺伝要因解明の中樞を担う。しかし多くの研究は、一塩基多型のみに着目しており、これまで多くの多型が見逃されてきた。本研究では、既存の全ゲノムデータから転移因子多型を同定するソフトウェアを開発し、日本人 20 万人の解析から、これまで見逃されてきた疾患の遺伝的リスクを明らかとした。ソフトウェア開発から実際のデータ解析まで、ノウハウを織り交ぜてご紹介する。

RNA 標的創薬のための統合データベース

演者：曾 超

所属：早稲田大学

RNA 標的創薬は、多様な疾患治療に期待されています。この分野の進展を加速するため、疾患関連 RNA に焦点を当てた注釈付きデータベースを構築するプロジェクトを開始します。

ベイズ統計モデルに基づく微生物叢データ解析手法の開発

演者：細田 至温

所属：早稲田大学

微生物叢には複雑な微生物間相互作用が働いており、微生物叢データからそれらを推定する手法が多く提案されている。その一つが、一般化ロトカ・ヴォルテラ方程式（以下 gLVE）という微分方程式に基づいた手法である。この gLVE ベースの手法は微生物間相互作用が時間変化しない仮定の元適用されてきたが、腸内微生物叢などの変化の激しい環境ではこの仮定は成立しないことが示唆されている。そこで、我々は時間変化する隠れ変数を gLVE に導入したベイズ統計モデルに基づく手法 Umibato を開発した。本講演では、Umibato のアルゴリズム及び Umibato によるマウス腸内微生物叢データの二次分析結果について紹介する。また、関連したその他の事例についても紹介する予定である。

オープンデータを活用し動物由来ウイルスを監視する

演者：川崎純菜

所属：千葉大学大学院 医学研究院

動物に由来するウイルスによって多くの感染症が引き起こされてきました。そのため次の感染症に備えるには、ヒトだけでなく動物を対象とした大規模なウイルス感染調査が必要ですが、こうした調査には多大な労力と時間を要するという課題が残されています。そこで今回は、データベースに蓄積されてきた誰でも使えるデータを再解析することで、低コストに大規模なウイルス感染調査を実施しようとする試みについてご紹介させていただきたいと思います。

一般講演

一般講演 1: 9 月 4 日 14:55 - 15:55

- P01 太田 聡史 (理化学研究所)
- P03 岡田 寛之 (東京大学)
- P06 本田 晃誠 (広島大学)
- P15 久保 直樹 (大阪大学 微生物病研究所)
- P17 Alexis Vandenbon (Kyoto University)
- P19 梶谷 卓也 (福井大学)

一般講演 2: 9 月 5 日 10:35 - 11:35

- P25 市川 巧 (理化学研究所)
- P41 川越 凜 (東京医科歯科大学難治疾患研究所)
- P44 荒瀬 充 (大阪大学)
- P46 幾代 藍 (東京理科大学)
- P47 蔭平 陽葉 (東邦大学)
- P48 山崎 将太郎 (大阪大学)

一般講演 1: 9月4日 14:55 - 15:55

配列情報から信頼性の高い細胞系譜を推定

氏名：太田 聡史

所属：国立研究開発法人理化学研究所 光量子工学研究センター画像情報処理研究チーム

要旨：41 ページ ポスターNo: 01 をご覧ください

マルチオミクスがバイオアダプティブ注射基剤を創出する

氏名：岡田寛之^{1,2}, 石川昇平³, 森大⁴, 平山明由⁵, 北浦義昭¹, 寺島明日香⁶, 小俣康德^{2,6}, 岩永康秀^{2,3}, 鄭 雄一^{1,7}, 荒川 和晴⁵, 沼田 圭司^{5,8,9}, 酒井 崇匡³, 北條 宏徳^{1,7}

所属：¹ 東京大学大学院医学系研究科疾患生命工学センター臨床医工学, ² 東京大学整形外科, ³ 東京大学大学院工学系研究科化学生命工学専攻, ⁴ 名古屋大学未来社会創造機構 量子化学イノベーション研究所, ⁵ 慶應義塾大学先端生命科学研究科, ⁶ 東京大学医学部附属病院骨軟骨再生医療講座, ⁷ 東京大学大学院工学系研究科バイオエンジニアリング専攻, ⁸ 京都大学大学院工学研究科 材料化学専攻 高分子材料化学講座 生体材料化学分野, ⁹ 理化学研究所 環境資源科学研究センター バイオ高分子研究チーム

要旨：43 ページ ポスターNo: 03 をご覧ください

遅発性アルツハイマー病の状態・進行の多様性とその関連遺伝子の解析

氏名：本田晃誠, 栗津暁紀

所属：広島大学 統合生命科学研究科

要旨：46 ページ ポスターNo: 06 をご覧ください

3D ゲノム解析で解き明かす細胞分化過程の転写制御機構

氏名：久保 直樹^{1,2}, Bing Ren²

所属：¹ 大阪大学 微生物病研究所 遺伝子機能解析分野,

² Department of Cellular and Molecular Medicine, University of California San Diego School of Medicine

要旨：55 ページ ポスターNo: 15 をご覧ください

DeepSpaceDB: a spatial transcriptomics atlas that allows interactive in-depth analysis of tissues and tissue microenvironments

氏名：Alexis Vandenbon¹

所属：¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University

要旨：57 ページ ポスターNo: 17 をご覧ください

「不可逆的」な遺伝子発現不均質性を促進・抑制するエピゲノム機構の発見

氏名：梶谷 卓也

所属：福井大学学術研究院工学系部門

要旨：59 ページ ポスターNo: 19 をご覧ください

一般講演 2: 9 月 5 日 10:35 - 11:35

特別な装置を必要としない大規模 Single Cell RNA-Seq 法 PIP-seq の検証

氏名：市川巧^{1,2}, 岩山佳美^{1,2}, 笹川洋平^{1,2}, 二階堂愛^{1,2}

所属：¹理化学研究所 生命機能科学研究センター バイオインフォマティクス研究開発チーム,²東京医科歯科大学 難治疾患研究所ゲノム応用医学研究部門 ゲノム機能情報分野

要旨：65 ページ ポスターNo: 25 をご覧ください

ヒト iPS 細胞由来神経細胞におけるゲノムワイドなマイクロエキソンの検出

氏名：○川越 凜, 笹川 洋平, 山根 万里子, 二階堂 愛

所属：東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム機能情報分野

要旨：81 ページ ポスターNo: 41 をご覧ください

クローン病に特徴的な T 細胞を誘導する転写因子 RUNX2 と BHLHE40 の発見

氏名：荒瀬充, 村上真理, 竹田潔

所属：大阪大学大学院 医学系研究科 感染症・免疫学講座 免疫制御学

要旨：84 ページ ポスターNo: 44 をご覧ください

父親の栄養環境が継世代エピゲノムを攪乱するメカニズムの探求

氏名：幾代 藍¹, 飯塚 瑞歩¹, 大塚 海¹, 前澤 創¹

所属：¹東京理科大学創域理工学研究科生命生物科学

要旨：86 ページ ポスターNo: 46 をご覧ください

個体差を利用した時系列 RNA-Seq によるイネの葯発生過程ステージング

氏名：¹蔭平陽葉, ²川岸万紀子, ¹鹿島誠

所属：¹東邦大学理学研究科生物分子科学専攻, ²農業・食品産業技術総合研究機構生物機能利用研究部門

要旨：87 ページ ポスターNo: 47 をご覧ください

ナノポアシーケンサを用いた植物 mRNA の選択的転写と分解・翻訳の統合解析

氏名：山崎 将太郎^{1, 2}, Ibnu Halim², 中前 瞳², 高澤 亮人², 古田 万紀子², 高橋 秀斗², 加藤 晃²

所属：¹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, ²奈良先端科学技術大学院大学先端科学技術研究科バイオサイエンス領域

要旨：88 ページ ポスターNo: 48 をご覧ください

協賛企業セミナー

9月4日

協賛企業セッション1: 10:10 - 10:40

プライムテック株式会社/Vizgen

SPT Labtech Japan 株式会社

協賛企業セッション2: 11:45 - 12:25

ミルテニーバイオテク株式会社

富士フイルム和光純薬株式会社

住商ファーマインターナショナル株式会社

ランチョンセミナー1: 12:35 - 13:15

アジレント・テクノロジー株式会社

トミーデジタルバイオロジー株式会社

協賛企業セッション3: 14:00 - 14:30

バイオストリーム株式会社/Curio Bioscience

ベックマン・コールター株式会社

協賛企業セッション4: 16:50 - 17:30

株式会社スクラム/10x Genomics Japan

セルシグナリングテクノロジージャパン株式会社

bitBiome 株式会社

協賛企業セミナー

9月5日

協賛企業セッション5: 9:40 - 10:10

株式会社スクラム

株式会社ジーンベイ

Nanostring - A Bruker Company/Visualix

協賛企業セッション6: 11:35 - 12:05

アゼンタ株式会社

株式会社ナベ インターナショナル

ランチョンセミナー2: 12:15 - 12:55

Yourgene Health (Singapore) Pte Ltd.

日本ベクトン・ディッキンソン株式会社

協賛企業セッション7: 13:40 - 14:10

バイオストリーム株式会社/Scale Biosciences

東洋紡株式会社

協賛企業セッション 1

9月4日 10:10 - 10:40

【プライムテック株式会社/Vizgen】

MERSCOPE の新展開と Cellpose3 を用いた細胞セグメンテーション解析のご紹介

WENBIN GU

プライムテック株式会社 研究支援部 アプリケーションサポート

MERFISH 技術を搭載した唯一のプラットフォーム：MERSCOPE® (Vizgen 社製)は、シングルセルレベルの解像度と 960-plex フルカスタム遺伝子パネルを用いることで、詳細な細胞サブタイプの同定と相互作用の解明が可能となり、アルツハイマー病などの疾患研究に新たなアプローチを提供します。後解析ツール VPT (Vizgen Post-processing Tool) に機械学習モデル Cellpose3 が新たに搭載されたことによって、関心組織専用の細胞セグメンテーションモデルの構築が可能となり、細胞の形状が複雑な組織でも高い識別精度を達成できます。ヒトを含む様々な生物種や組織を用いた幅広い研究分野において、革新的な活用が期待されます。

【SPT Labtech Japan 株式会社】

ライブラリー調製の自動化に！サーマルサイクラーもドッキング！

松下 政宏

SPT Labtech Japan 株式会社

オールインワン・ゲノミクス自動分注システム「firefly® Genomics」。2 種の分注ヘッドを搭載し、低ランニングコスト、低デッドボリューム、スピードアップを可能にする、幅わずか 66cm のコンパクトな分注ワークステーションです。「firefly® Plus」は、追加オプションのサーマルサイクラーをドッキングすることが可能になり、Full-walk-away を実現します。

協賛企業セッション 2

9月4日 11:45 - 12:25

【ミルテニーバイオテック株式会社】

組織片1つから 100 を超えるの抗原マーカー検出を可能にする空間生物学解析システム: MACSima™ Platform

中山 創平

ミルテニーバイオテック株式会社 マーケティング部

単一細胞遺伝子発現解析で得られた結果のバリデーションにお困りではありませんか？ MACSima™ System は、蛍光免疫染色、顕微鏡撮影、蛍光消去のサイクルを完全自動で繰り返すことにより、100 種類を超えるタンパク質マーカーを単一細胞レベルの解像度で検出するマルチプレックスイメージャーです。得られた画像スタックデータを活用して特定の細胞集団からの距離によるゲーティングを設定し、細胞間相互作用や細胞外マトリクスと細胞の関係性に焦点を当てることが可能です。また、当社の蛍光標識抗体のラインナップや組織別の抗体パネルキットなどをご活用いただくことで、どなたでも簡単に、そして再現性高く運用できるタンパク質解析用の空間生物学用解析を行っていただけます。今回、新発売いたします、同スライド上での 20 種類程度の RNA 検出を可能にする RNAsky™テクノロジーを使用した、マルチオミクスの一例を合わせて紹介いたします。

【富士フイルム和光純薬株式会社】

富士フイルム和光純薬が取り扱う NGS 関連サービスについて

高橋信彦

富士フイルム和光純薬株式会社

弊社では、Azenta 社のシングルセル解析サービスや高感度空間発現解析サービス Stereoseq をはじめ、様々な NGS 関連サービスを展開しております。また、BitBiome 社の国内唯一の技術である微生物シングルセルゲノム解析サービスについても新たに開始いたしました。また、ドライ解析サービスについても様々なサービスを展開しております。セミナーでは、上記内容を中心にご紹介させていただきます。

【住商ファーマインターナショナル株式会社】

新製品紹介：ナノスケールの空間解析と簡単・安価なシングルセル解析

嶋多 涼子

住商ファーマインターナショナル株式会社 研究推進部

本セミナーでは、空間解析とシングルセル解析に関連する取り扱い製品を紹介したい。空間解析製品である「STOmics」は、業界最高レベルの広視野と空間解像度 (500nm) といった特徴を有する。今回は、CITE-seq や FFPE サンプル対応のアップデート情報についても触れたい。また、シングルセル 3' RNA-seq および ATAC-Seq 用に最適化された簡単・安価な新製品も紹介する。

ランチョンセミナー 1

9月4日 12:35 - 13:15

【アジレント・テクノロジー株式会社】

ターゲットエンリッチメント技術の活用

齋藤るみ子

アジレント・テクノロジー株式会社 診断・ゲノミクス部門

対象の領域を濃縮し、効率的に解析を行うことができるターゲットエンリッチメントは、これまでショートリードシーケンスを中心に活用されてきました。近年この技術は、ロングリードシーケンスや微量 DNA を用いた解析にも活用されています。この度のプレゼンテーションでは SureSelect XT HS2 試薬を活用したロングリードシーケンシング向けターゲットエンリッチメントと、新しいキャプチャプローブシステムによって cfDNA などの微量 DNA サンプルに最適化が図られた Agilent-Avida ターゲットエンリッチメントについてご紹介いたします。

【トミーデジタルバイオロジー株式会社】

次世代プロテインシーケンサー、ロングリード IsoSeq、CITE-seq 関連製品のご紹介

田中英夫

トミーデジタルバイオロジー株式会社

Quantum-Si 社 次世代プロテインシーケンサー Platinum、PacBio 社 ロングリードシーケンサーによる全長アイソフォームシーケンス用のキット Kinnex、BioLegend 社の CITE-seq 用抗体試薬 TotalSeq を紹介します。

協賛企業セッション 3

9月4日 14:00 -14:30

【バイオストリーム株式会社/Curio Bioscience】

Curio Spatial Mapping Kits - A new era in spatial omics

Bertrand Yeung

Curio Bioscience

Curio Bioscience provides innovative solutions for high-resolution spatial biology. In this seminar, you will learn about Curio Seeker, an easy-to-use kit that enables core labs to offer their customers unbiased, whole-transcriptome analysis of individual cells at 10um resolution using next generation sequencing. We will also bring you to the next level in new spatial omics technology, Curio Trekker, that is based on Slide-tags from the Broad Institute and is the first spatial assay to give you true single-cell resolution without the need for deconvolution or segmentation. No optimization. No additional instrumentation. Whole-transcriptome spatial biology made easy.

【ベックマン・コールター株式会社】

SPRI 核酸抽出、自動化、微量化、ベックマンが提案する NGS ワークフロー

小野寺 純

ベックマン・コールター株式会社ライフサイエンス マーケティング本部

核酸抽出とライブラリ調製の処理品質は最終結果に直結するとともに、非常に繊細かつマンパワーを必要とする工程でもあり、NGS ワークフロー最適化・標準化を考える上で課題となっています。本発表では、核酸抽出からライブラリ調製まで一貫したハイスループット処理の自動化による作業標準化と省力化をご提案いたします。高性能な SPRI 磁性ビーズ式試薬キットによる核酸抽出の多検体処理、自動分注機 Biomek シリーズによる核酸抽出からライブラリ調製までの一貫した自動化、チップレスかつ微量分注を特徴とする Echo 525 による消耗品コスト削減など、本発表を通じて皆様のワークフローに適したソリューションをお示しできれば幸いです。

協賛企業セッション 4

9月4日 16:50 - 17:30

【株式会社スクラム/10x Genomics Japan】

10x Genomics の製品アップデート 2024 年から来年にかけて

大崎 研

10x Genomics

昨年に引き続き、今年も 10x Genomics の Chromium シングルセルと Visium Spatial、そして Xenium in situ の製品アップデート三本立てで行きます！

- ・シングルセル：新試薬 GEM-X を選ぶ理由とは？ 解像度、実験、価格の観点から
- ・Visium：HD の解像度で何ができるか？ NGS の強みを最大限生かす空間解析
- ・Xenium：組織切片での細胞解析はどれだけすごいことなのか？数千遺伝子パネルを例に

要旨を書いている 6 月時点ではこれらを中心とした面白い話を考えていますが、ご存知の通り 10x の新製品開発スピードは社員でさえもついて行くのが大変なくらい速いので、内容は変更する可能性が大いにあります。そのほかにもブースで個別にお話ししますのでぜひお立ち寄りください。

【セルシグナリングテクノロジージャパン株式会社】

CUT&Tag でクロマチンプロファイリングがより迅速に！

南出良平

セルシグナリングテクノロジージャパン株式会社

CUT&Tag (Cleavage Under Targets and Tagmentation) は、pAG-Tn5、一次抗体、および二次抗体を利用してゲノム全体のタンパク質-DNA 相互作用を解明する新しいクロマチンプロファイリング技術です。免疫沈降に依存しない CUT&Tag は、ChIP-seq と比較して、必要なサンプル量や実験にかかる時間、次世代シーケンシング (NGS) における必要リード数を大幅に低減できます。本発表では、CUT&Tag の仕組みとそのメリットや、実験ニーズに合わせた CUT&Tag と CUT&RUN の選択基準と留意点、一貫性や信頼性、再現性のある結果を作成できるように、CST が CUT&Tag キットや試薬、抗体などのすべての製品の性能を保証するための方法について紹介いたします。

【bitBiome 株式会社】

HiFi リードで実現する高精度マイクロバイーム解析

緒方 勇亮

bitBiome 株式会社 研究開発部

様々な疾患への微生物の関与が報告されており、腸内・口腔内などの微生物叢と疾患の関連についての研究が重要となってきています。近年では Pacific Biosciences 社の高精度（HiFi）ロングリードシーケンス技術が登場し、微生物叢解析の解像度が飛躍的に向上しています。本セミナーでは、bitBiome 社がサービスとして提供する HiFi リードシーケンスについて、微生物の解析におけるショートリードシーケンス技術との違いについて実際の解析事例を交えて紹介します。

協賛企業セッション 5

9月5日 9:40 - 10:10

【株式会社スクラム】

AVITI24（米国 Element Biosciences 社）のご紹介

相良 聡

株式会社スクラム 戦略製品事業部

米国 Element Biosciences 社が発表した最新機種 AVITI24 と同社の技術革新の中核であるローリングサークル増幅と ABC（Avidity Based Chemistry）は、Q50 レベルのシーケンスとフローセル上での細胞プロファイリング（RNA、タンパク質、細胞形態の解析）を可能とした。培養細胞や PBMC を対象としたマルチオミクス・シングルセル解析を例に技術を紹介する。

【株式会社ジーンベイ】

ナノポアシーケンス解析の最新事例

上村泰央

株式会社ジーンベイ

ジーンベイは、オックスフォード・ナノポア・テクノロジーズ社（ONT 社）の認定サービスプロバイダーとして、医療・製薬・食品～農学・環境まで多様な分野のサンプルのシーケンスやデータ解析の受託サービスを提供している。本セッションでは、最新キットやアプリケーションの検証結果など、ナノポアシーケンシングの最新情報を紹介したい。

【Nanostring - A Bruker Company/Visualix】

CosMx™ SMI によるシングルセル空間マルチオミクス解析で、研究ギアを一段上げましょう

植松隆

Nanostring - A Bruker Company

シングルセル解析は、生命科学研究に対する私たちの理解とバイオマーカーを発見する能力に革命をもたらしましたが、組織をバラバラにする必要があるため、細胞タイプが組織構造の文脈において、空間内でどのように組織され機能しているかは決してわかりません。この問題を解決するために、ナノストリングは次世代の空間マルチオミクスソリューション CosMx™ SMI を開発し、FFPE で 6000 以上の mRNA と 60 以上のタンパク質の空間情報を保持した多重解析を可能にしました。CosMx™ SMI は、生物学の研究ギアを一段上げ、基礎や臨床応用、さらに臨床レベルでの研究に変革する可能性を秘めています。

協賛企業セッション 6

9月5日 11:35 - 12:05

【アゼンタ株式会社（ジーンウィズ™）】

超高解像度空間的遺伝子発現解析“Stereo-seq”で新たな Spatial Transcriptomics の世界が広がる

秋山康一

アゼンタ株式会社

Stereo-seq は、STOmics 技術を応用した空間的遺伝子発現解析手法で、現行で最も解像度の高い手法の一つです。シングルセル解析手法と並び、組織微小環境の遺伝子発現プロファイルを、細胞レベルで検出できる強力なオミクス解析ツールとなっています。すでに個体発生から疾患研究まで幅広く利用されています。近日リリース予定の Stereo-seq FFPE 版では、現行の超高解像度の特長はそのまま、ヒト・マウス以外の FFPE 検体にも対応、研究の可能性を広げることが期待されます。アゼンタ株式会社の GENEWIZ® マルチオミクス&遺伝子合成ソリューションは、国内ラボの技術力の高さと最新鋭の設備を擁するグローバルリソースを強みに、様々なマルチオミクスサービスを提供することでお客様の研究をサポートします。

【株式会社ナベ インターナショナル】

多様な解析ニーズに応えるための次世代の解析環境のご提案

大木一永

技術開発部

一定規模以上の解析環境では、ファイルサーバー、ログインノード、計算ノードを組み合わせクラスタシステムを構成するのが一般的ですが、Web(Jupyter, Rstudio)や Docker 化された解析ツールをこういったクラスタシステムで安全に使う場合、いくつかの制約が必要となり使い勝手が悪くなりがちです。

共有リソースとしてのメリットを残しながらも、多様なユーザーの多様な解析ニーズに応えるにはクラスタシステム自体のあり方のアップデートが必要です。

具体的な導入事例の紹介もまじえて、次世代の解析環境の在り方を提案します。

ランチョンセミナー 2

9月5日 12:15 - 12:55

【Yourgene Health(Singapore) Pte Ltd.】

自動 DNA サイズセレクション装置 LightBench®で高精度の DNA 分取を可能に！

Patterson Yeoh, Fred Chu

Yourgene Health (Singapore) Pte Ltd.

Ranger®テクノロジーを搭載した LightBench®は、サイズセレクション機能において業界トップクラスの拡張性と精度を実現し、最大限の DNA 濃縮を可能にします。臨床および研究室のワークアウェイ時間の拡大だけでなく、ワークフローコストを削減し、収量の向上を実現します。

【日本ベクトン・ディッキンソン株式会社】

BD Rhapsody™ HT Xpress System を用いた scRNA-seq の特徴と新製品のご紹介

安田剛

日本ベクトン・ディッキンソン株式会社 アプリケーションサポートグループ

BD Rhapsody™ シングルセル解析システムはマイクロウェルを使用する方のダメージが小さく、またドロップレット方式とは異なりサンプルが詰まる心配もなく RNase の影響も受けにくいため、様々な種類のサンプルに対して適用可能な手法となっています。

今回は BD Rhapsody™ シングルセル解析システムの特徴をご紹介するとともに、新製品である ATAC-seq や scRNA-seq 等のサンプル保存に最適な OMICS-guard preservation buffer のお話をいたします。

協賛企業セッション 7

9月5日 13:40 - 14:10

【バイオストリーム株式会社/Scale Biosciences】

Single Cell at Scale: from high throughput sample multiplexing to single cell Methylation

Chiara Reggio

Scale Biosciences

Scale Biosciences Combinatorial Indexing technology allows for single-cell studies to be massively scaled and makes it possible to accommodate larger projects, without compromising quality and cost. From multiplexing hundreds of samples to single cell epigenomics, ScaleBio instrument-free kits will expand our knowledge of cell phenotypes in many areas of research.

【東洋紡株式会社】

シングルセル・微量 RNA からのライブラリー調製キットのご紹介 -FFPE サンプルからも！-

渡辺 聖実

東洋紡株式会社 バイオプロダクト営業部

東洋紡では、cDNA 増幅技術である RT-RamDA®法を応用した、シングルセルまたは微量 RNA からのライブラリー調製キット「GenNext® Shin-RamDA-seq® Single Cell Stranded Kit」を販売しています。本キットでは、FFPE サンプルなどダメージによって polyA が取れてしまった RNA や、ノンコーディング RNA などの non-polyA RNA も解析が可能です。

本セッションでは新しく取得した実施例も交えながら、製品の特長をご紹介します。

ポスターセッション

奇数：9月4日（17：30～18：30） / 偶数：9月5日（14：10～15：10）

※一般講演に採択された方は、「一般講演」の欄に「○」印が付されています。

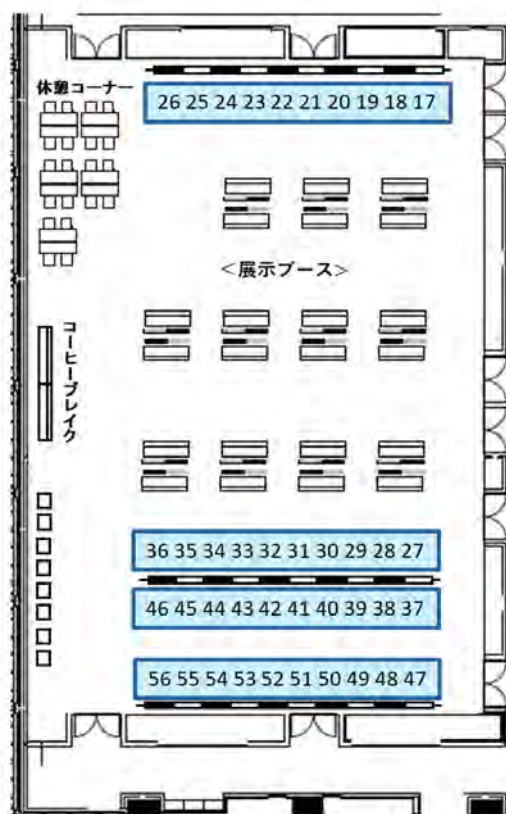
ポスター 番号	発表者名	タイトル	一般 講演
P01	太田 聡史	配列情報から信頼性の高い細胞系譜を推定	○
P02	大西 真生	RNAi スクリーニングと RNA-seq による線虫 <i>C. elegans</i> の胚発生期におけるヒト A β 細胞毒性緩和メカニズムの解明	
P03	岡田 寛之	マルチオミクスがバイオアダプティブ注射基剤を創出する	○
P04	白澤 健太	被子植物のすべての目（もく）で T2T ゲノム解読を目指す	
P05	永田 健一	アルツハイマー病モデルマウス脳における疾患関連マイクログリアの解析	
P06	本田 晃誠	遅発性アルツハイマー病の状態・進行の多様性とその関連遺伝子の解析	○
P07	平田 直彦	QIAGEN CLC Genomics Server: A GxP-compliant solution for NGS-based biosafety assessments	
P08	國田 竜太	2 型糖尿病 β 細胞の single cell RNA-seq データを用いた創薬ターゲットや病理機序予測	
P09	富樫 和也	CUT&RUN, CUT&Tag および ATAC-Seq のための普遍的 spike-in 法の開発	
P10	田口 善弘	テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用	
P11	宮田 憲一	エピゲノム異常が助長するがん細胞の多様性解析	
P12	竹内 大貴	末梢血 CD4+ T 細胞の多様性解明を目指したメタアナリシス	
P13	熊谷 真彦	TASUKE+：大規模な多型データや GWAS データを可視化するゲノムブラウザ	
P14	中林 武尊	アダプティブサンプリングを用いた関心領域濃縮シーケンスの基礎検討	
P15	久保 直樹	3D ゲノム解析で解き明かす細胞分化過程の転写制御機構	○
P16	Afeefa ZAINAB	The Importance of Suitable Reference Data for Improved Cell Type Annotation Prediction in Spatial Transcriptomics Samples	
P17	Alexis Vandenbon	DeepSpaceDB: a spatial transcriptomics atlas that allows interactive in-depth analysis of tissues and tissue microenvironments	○
P18	Vladyslav Honcharuk	A guided tour of DeepSpaceDB, a spatial transcriptomics database	
P19	梶谷 卓也	「不可逆的」な遺伝子発現不均質性を促進・抑制するエピゲノム機構の発見	○
P20	山村 良平	視神経脊髄炎スペクトラム障害(NMOSD)トランスクリプトーム解析によるステロイド応答性クラスター	

P21	岸本 麻衣	カナリア由来コルミオウイルスの全長ゲノムの同定および性状解析	
P22	河崎 史子	1 細胞解析で見る、PIWI-interacting RNA 研究モデル培養細胞の多様性	
P23	武田 貴成	RamDA-seq による FFPE 由来 RNA からの RNA-seq 解析	
P24	安藤 吉成	Overview of the Human Cell Atlas	
P25	市川 巧	特別な装置を必要としない大規模 Single Cell RNA-Seq 法 PIP-seq の検証	○
P26	古家 育子	慶應-理研 IMS 共同研究プログラム：HuMED	
P27	Hongyi Zhao	Dissecting heterogeneity in liver pathophysiology using spatial transcriptomics	
P28	竹本 大悟	ウニ FLVCR 遺伝子機能解析と FLVCR 遺伝子ノックアウト胚の表現型観察	
P29	吉田 武司	Single cell RNA-seq による冠動脈疾患及び頸動脈硬化症におけるブランク不安定化要因の考察	
P30	生井 聡史	ハイブリダイゼーション法によるターゲットロングリードシーケンス	
P31	今井 咲帆	G および M 遺伝子を欠損した新規ボルナウイルスの発見	
P32	SONG JUNSOO	ARID1A タンパク質の発現と機能を考慮した新たな子宮内膜癌患者の層別化：マルチオミクスデータの効率的利用に向けて	
P33	湯浅 太智	フックス角膜内皮ジストロフィ患者の角膜内皮におけるスプライシング異常の検討	
P34	杉山 響	空間トランスクリプトーム解析のための線形計画法を用いた細胞領域と細胞種の推定手法	
P35	齋藤 祐希	那珂川産天然アユの脳における遺伝子発現の Lasy-Seq による網羅的解析	
P36	飯郷 雅之	次世代シーケンサーを活用した DNA レベルでの生物多様性調査	
P37	矢野 実	長鎖 DNA シーケンサーによる cDNA 解析技術の導入	
P38	瀧本 裕美	M2 to M1 repolarization of tumor-associated macrophages via the lysosomal effect of Itraconazole.	
P39	呂 潔珮	複数の公共データベースからの RNA データを用いた心筋細胞増殖関連遺伝子の同定と解析	
P40	後藤 梨久都	イエネコ内在性レトロウイルスによる ゲノムの立体構造形成および転写への影響の解析	
P41	川越 凜	ヒト iPS 細胞由来神経細胞におけるゲノムワイドなマイクロエキソンの検出	○
P42	稲垣 蒼一郎	フックス角膜ジストロフィ患者の角膜内皮における RNA-Seq データを用いたイントロンリテンションの検討	
P43	杉原 礼一	グラフ埋め込みに基づく空間オミクス解析手法の開発	
P44	荒瀬 充	クローン病に特徴的な T 細胞を誘導する転写因子 RUNX2 と BHLHE40 の発見	○
P45	佐藤 晋	ヘビの体軸伸長を誘導する分子メカニズムの解明	

P46	幾代 藍	父親の栄養環境が継世代エピゲノムを攪乱するメカニズムの探求	○
P47	蔭平 陽葉	個体差を利用した時系列 RNA-Seq によるイネの葯発生過程ステージング	○
P48	山崎 将太郎	ナノポアシーケンサを用いた植物 mRNA の選択的転写と分解・翻訳の統合解析	○
P49	上田 直侑	フックス角膜内皮ジストロフィのモデルマウスにおける RNA-Seq 解析	
P50	竹内 一博	ヒトゲノムにおける機能的配列の網羅的な解析研究	
P51	伊藤 嘉規	先天性サイトメガロウイルス感染症におけるサイロメガロウイルス全ゲノム解析	
P52	飯塚 瑞歩	マウス精子変態期における核ラミナの機能解明	
P53	大野 充昭	R-Shiny を用いたインタラクティブな scRNA-seq データ解析	
P54	志馬 寛明	紫外線照射は皮膚に常在する CD81+活性化制御性 T 細胞を増加させる	
P55	河嶋 厚成	FoundationOne® Liquid CDx 診断に基づき分子標的薬治療が奏功した世界初 EGFR L858R 変異陽性転移性右腎盂癌の多部位シーケンスによるプロファイル解明	
P56	萩原 柁	DNA メチル化に基づく細胞分画推定により明らかになった、がん予後に関連する腫瘍微小環境	

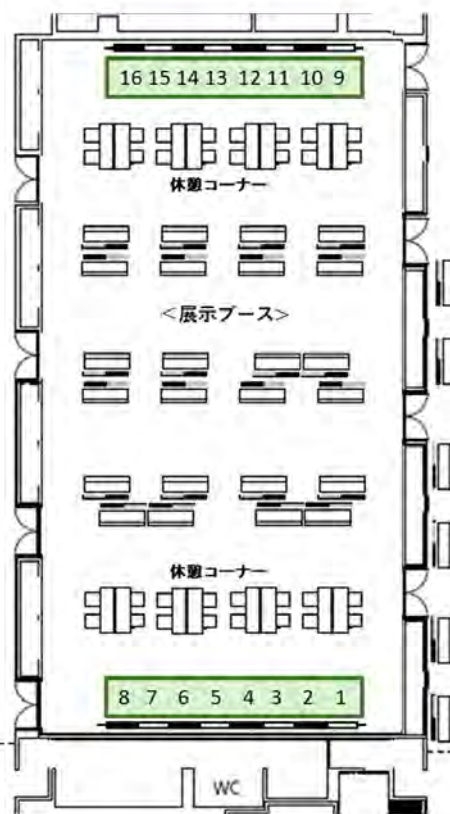
会議室 1008.1009

<ポスター展示 2>



会議室 1004 - 1007

<ポスター展示 1>



演題番号：01

配列情報から信頼性の高い細胞系譜を推定

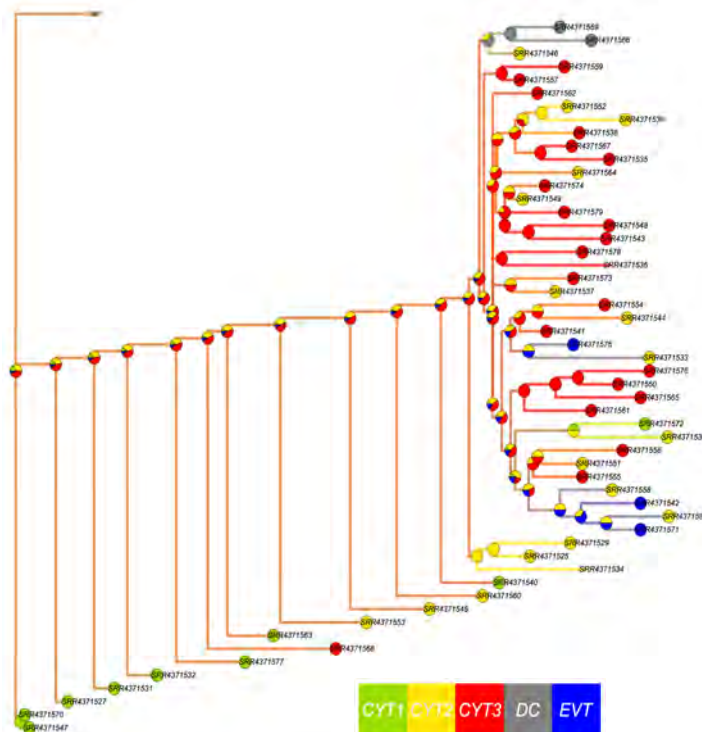
氏名：太田 聡史

所属：国立研究開発法人理化学研究所 光量子工学研究センター画像情報処理研究チーム

要旨：

機械学習アプローチによる細胞種の分類法や疑似時間経過解析法では、遺伝子発現量を解析源として用いる。これらの解析法は、細胞にかかる環境ストレス等の要因により遺伝子発現量が大きく変化するために、解析結果も不安定となる傾向がある。今回、体細胞変異情報を解析源とすることでより安定性の高い解析法を提案したい。

人の体内では細胞が分裂するたびに遺伝子変異が発生しており、ヒト1人を構成する60兆個の細胞は1細胞毎に少しずつ異なるDNAが入っている。この体細胞変異は、一度生じればその後は変化をしない、安定な解析源である。そこで、各細胞の体細胞変異情報を手掛かりとして細胞系譜を作製するプログラムを開発した。シングルセルRNA-seqデータをこのプログラムにかければ下記図のような細胞系譜が自動でできあがる。シングルセルRNA-seqデータは読み込みエラーが高頻度で生じているが、この影響を極力排除できるアルゴリズムの作製に成功した。



演題番号：02

RNAi スクリーニングと RNA-seq による線虫 *C. elegans* の胚発生期におけるヒト A β 細胞毒性緩和メカニズムの解明

氏名：大西真生¹, King Law¹, 小原光貴¹, 久保田幸彦², 伊藤将弘²

所属：¹立命館大学 生命科学研究科, ²立命館大学 生命科学部

要旨：

我々はヒトアミロイド β (A β) を発現させた線虫株は、高頻度の胚性致死を引き起こすことを見出した。そして、タンパク質相互作用データベースである STRING から取得したヒト APP 相互作用タンパク質の線虫オーソログに着目して、胚性致死を抑制する遺伝子の RNAi スクリーニングを行った。その結果、ヒトの MAPK10 のオーソログをコードする *kgb-1* と *kgb-2* の RNAi が胚性致死を抑制した。次に、ヒト A β 発現株に対して、RNA シーケンス (RNA-seq) と KEGG pathway 解析を行った結果、「小胞体におけるタンパク質プロセッシング」パスウェイなどが亢進していた。そこで、*kgb-1* と *kgb-2* の上流の遺伝子であるヒトの MEK1 のオーソログをコードする *mek-1* とヒトの ASK1 のオーソログをコードする *nsy-1* の RNAi を行った結果、胚性致死が顕著に抑制された。さらに、「小胞体におけるタンパク質プロセッシング」パスウェイは、IRE-1、ATF-6、PEK-1 の3つの膜貫通タンパク質を頂点とする経路で制御されることに着目した。そこで、*ire-1*、*atf-6*、*pek-1* の RNAi を独立に行った結果、3つ異なるノックダウン条件全てで、ヒト A β 発現株の胚性致死率が顕著に減少した。しかし、コントロール株の胚性致死率はわずかに上昇した。ヒト A β 発現株に対する RNA-seq によって、*ire-1*、*atf-6*、*pek-1* の発現は亢進していた。以上の結果、*ire-1*、*atf-6*、*pek-1* は胚発生に必須であるが、ヒト A β 発現株ではこれらの遺伝子発現が亢進しており、それが高頻度の胚性致死を引き起こすことを示唆された。

マルチオミクスがバイオアダプティブ注射基剤を創出する

氏名：岡田寛之^{1,2}，石川昇平³，森大⁴，平山明由⁵，北浦義昭¹，寺島明日香⁶，小俣康德^{2,6}，岩永康秀^{2,3}，鄭 雄一^{1,7}，荒川 和晴⁵，沼田 圭司^{5,8,9}，酒井 崇匡³，北條 宏徳^{1,7}

所属：¹ 東京大学大学院医学系研究科疾患生命工学センター臨床医工学，² 東京大学整形外科，³ 東京大学大学院工学系研究科化学生命工学専攻，⁴ 名古屋大学未来社会創造機構 量子化学イノベーション研究所，⁵ 慶應義塾大学先端生命科学研究所，⁶ 東京大学医学部附属病院骨軟骨再生医療講座，⁷ 東京大学大学院工学系研究科バイオエンジニアリング専攻，⁸ 京都大学大学院工学研究科 材料化学専攻 高分子材料化学講座 生体材料化学分野，⁹ 理化学研究所 環境資源科学研究センター バイオ高分子研究チーム

要旨：新型コロナワクチンには、細胞内へ mRNA の送達効率を高めるために、Poly(ethylene glycol) (PEG) が含まれている。コロナワクチンなどの新規マテリアルの生体適合性の評価では、細胞毒性、アレルギー反応など有害な免疫反応が‘ない’ことを確認することが一般的である。しかし、生体適合性があることを示すテストは、確立されていない。さらに臨床で汎用される筋肉注射について、注射手技を適切に評価した研究はない。

私たちはワクチンの接種法を模倣し、かつ注射基剤の生体適合性を評価するための動物モデルとして、マウス大腿四頭筋注射モデルを確立した。注射 1 週間後の筋肉を摘出し、注射基剤が筋肉に与える影響をマルチオミクスで評価した。注射基剤として、臨床上汎用される PEG に加えて、ヒアルロン酸、ステロイドを評価し、未注射の筋肉と比較した。

シングルセルトランスクリプトームによって、筋損傷後の炎症反応・線維化および筋肉細胞分化への影響を同時に評価すると、無害と考えられてきた PEG 注射でも、マクロファージ及び線維芽細胞の増加が観察された。また注射群全てで、筋芽細胞は増加した。さらにプロテオミクスによって、既報の 1.5 倍の 4,194 種のタンパク質を定量評価し、アミノ酸代謝経路への影響が示唆された。さらにメタボロミクスにより、88 種の代謝産物を定量評価し、アミノ酸代謝への直接的影響を検出した。

本研究では、新規創出マテリアルに対して、生体適合性を高深度に評価し、より性能の高いものを選び出すための新たな in vivo モデルを確立し、マルチオミクス研究の有用性を示した。特にメタボロミクスは、遺伝子発

では評価しえない生体への

響を検出した。新たな vivo プ

ットフォームがバイオアダ

プティブ材料創出を加速する。

生体適合性を評価する筋注モデル

背景

- COVID-19 ワクチン接種の副作用多
-> ヒトに優しい注射基剤開発が急務
- 生体適合性を深く多層的に評価する実験系が必要

方法



筋注スコア評価

Swelling, Hemorrhage,,

マルチオミクス解析



現
影
ラ
ブ

演題番号：04

被子植物のすべての目（もく）で T2T ゲノム解読を目指す

氏名：白澤健太, 佐藤光彦, 青柳優太, 飯村秀明, 平川英樹, 磯部祥子

所属：かずさ DNA 研究所

要旨：

私たちはこれまでに 50 以上の植物ゲノムを解読してきた。しかし「植物ゲノム」とは何かを理解するためには、植物界全体を網羅するゲノム情報が必要である。被子植物には 67 の目（もく）があるが、20 の目ではゲノム配列情報が得られていない。それどころか、大半の植物では染色体数やゲノムサイズ、倍数性も分かっていない。私たちは、ロング・ショートリード技術、コンタクトマッピング技術、オプティカルゲノムマッピング技術、およびシングルセル技術を駆使して、被子植物のすべての目のゲノム配列を染色体の末端から末端までひと続きにテロメア・ツー・テロメア (T2T) で解読することを目指している。本講演では、植物のゲノム解析の難しさを交えつつ、プロジェクトの概要と進捗状況を紹介する。

演題番号：05

アルツハイマー病モデルマウス脳における疾患関連ミクログリアの解析

氏名：永田健一¹

所属：¹名古屋大学大学院医学系研究科

要旨：

アルツハイマー病 (Alzheimer's disease, AD) は認知症の主要な原因であり、世界規模で進む社会の高齢化の中で、病態形成メカニズムの解明が求められている。認知機能低下に先立って、患者脳にはアミロイド β やタウが蓄積し、慢性的な炎症状態となる。この炎症の場で働く細胞として、脳常在の免疫細胞ミクログリアが注目されている。しかし、アミロイド β とタウに対してミクログリアがどのように反応を変えるかなど、未だ多くのことが明らかでない。本研究では、ADモデルマウスを対象として実施した single-nucleus RNA-seq、Visium の実験結果を解説するとともに、解析において苦労した点や今後の展望などをシェアしたい。

遅発性アルツハイマー病の状態・進行の多様性とその関連遺伝子の解析

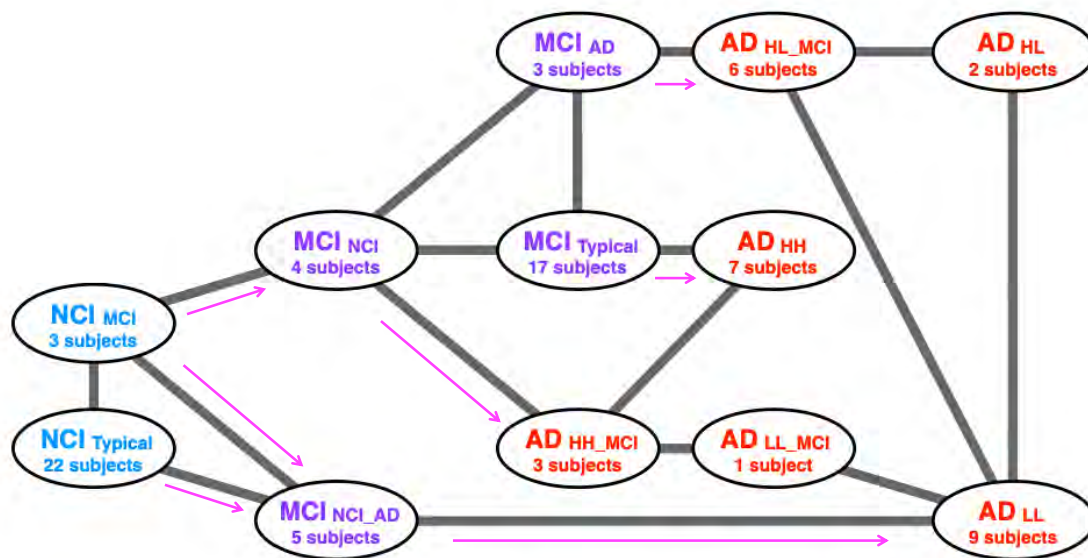
氏名：本田晃誠, 栗津暁紀

所属：広島大学 統合生命科学研究科

要旨：

認知症の主な原因であるアルツハイマー病の原因は依然として不明であり、開発された治療薬にも多くの課題が残っている。これまでに、多くのアルツハイマー病の研究が原因タンパク質であると考えられているアミロイド β に注目している。その一方、ウイルス感染や糖尿病などのアミロイド β 以外の因子との関連も示唆されている。そのため、病態や進行の仕方に多様性が存在する可能性があるが、そのような考察はほとんどされていない。

そこで本研究では、遅発性アルツハイマー病の発症・進行の機序の解明に向け、特に、状態・進行の多様性に着目し、公共データベース ENCODE にて公開されている RNA-seq データの解析をおこなった。その結果、遅発性アルツハイマー病の各進行段階（健常者、軽度認知障害者、アルツハイマー病患者）にそれぞれサブグループが存在することや、特徴の異なる複数の病状進行経路が存在することが示唆された。



演題番号：07

QIAGEN CLC Genomics Server: A GxP-compliant solution for NGS-based biosafety assessments

氏名：平田直彦

所属：株式会社キアゲン QIAGEN Digital Insights

要旨：

Good manufacturing practices (GxP) have been introduced a wide range of regulated industries to ensure safety and quality of the final product.

GxP guidelines provide frameworks for documenting and tracing of quality-related parameters, operations, performance, staff training, risk management and software life cycle management.

NGS is increasingly being recommended as a versatile and unbiased technology for monitoring all steps in the production process, including generic QC for mix-ups, batch traceability, identity and stability of cell cultures. The biopharmaceutical industry focuses on tracking the virome of cell cultures in order to quantify adventitious agent clearance and potential activation of host (retro)viruses. NGS is also used to confirm vector designs and characterize host genome integrity. In addition, NGS is used to quantify effects of cell manipulations on gene expression using RNA-seq.

Here, we introduce our QIAGEN CLC Genomics Server which provides analytical flexibility to analyze various NGS workflows in GxP environments.

演題番号：08

2 型糖尿病 β 細胞の single cell RNA-seq データを用いた創薬ターゲットや病理機序予測

氏名：國田竜太¹, Joseph Pearson², Stuart Tugendreich²

所属：¹ 株式会社キアゲン, ² QIAGEN Redwood city

要旨：

2 型糖尿病の病理機序を理解する目的で、 β 細胞特異的に発現する遺伝子群の情報の取得が、single cell RNA-seq 解析で行われている (Cell Rep. 2019 Mar 12;26(11): 3132-3144.e7)。この論文の中で著者たちは、遺伝子発現が特異的にみられることをそのまま遺伝子産物の活性も高いという前提のもとで結果の解釈を行っている。しかしながら、mRNA が多く存在することでタンパク質の活性も高いと考えることには問題も多い。今回、このデータを QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis (IPA) で解析し、糖尿病の β 細胞で活性化または不活性化されていると考えられる上流の制御因子の予測を行った。さらに、過去の膨大な他研究由来（レポジトリ等から取得）の IPA 事前解析結果（2024 年 6 月現在約 20 万）との比較から得られた興味深い知見についても紹介する。これらの知見は、疾患の病理機序解明や創薬ターゲット同定に役立つものと考えられる。

CUT&RUN, CUT&Tag および ATAC-Seq のための普遍的 spike-in 法の開発

氏名：富樫 和也¹, Sarah Townsley², Brad Townsley² and Benjamin Delatte²

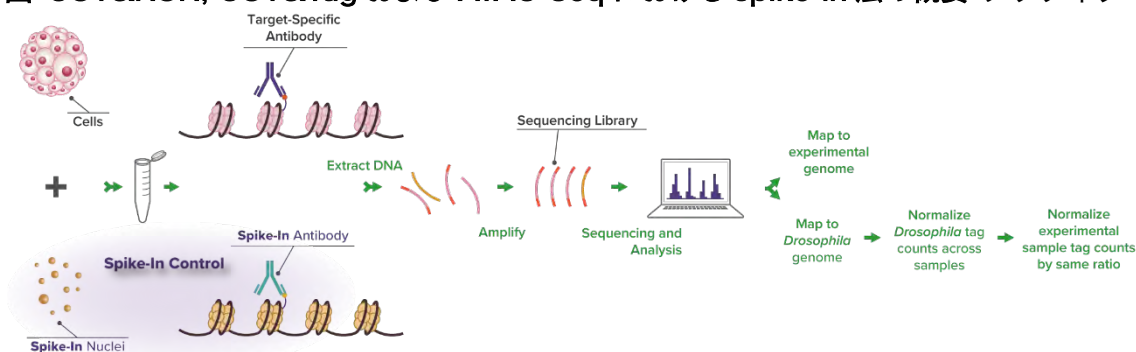
所属：¹アクティブ・モティフ株式会社, ²Active Motif, Inc.

要旨：

NGS ベースのアッセイにおけるデータの正規化手法として、spike-in コントロールを使用することは、遺伝子発現やクロマチン関連タンパク質の占有率の違いを比較するために必須である。実際、RNA-Seq や ChIP-Seq、ATAC-Seq、およびその他のシーケンス手法において spike-in の必要性和有用性が実証されている。しかし近年、エピジェネティクス分野では次々に新技術が登場しており、CUT&RUN や CUT&Tag などの新手法に対応した、データセット間の比較を可能にする正規化法が確立していない。

本発表では、エピジェネティクス研究における新しい手法に対応した、我々が開発した *Drosophila* の細胞核を用いた Spike-In Control について報告する。特に、ゲノム全域にわたりグローバルな変化を引き起こすような薬剤処理などを行う場合には、Spike-In Control が必須であることを示す。

図 CUT&RUN, CUT&Tag および ATAC-Seq における spike-in 法の概要 アクティブ・モテ



ィフの Spike-In Control ではショウジョウバエの細胞核およびショウジョウバエ特異的ヒストンバリエントである H2Av に対する抗体を Spike-In 抗体として用いている。なお、ATAC-Seq では図中の抗体は使用せず、Spike-In Nuclei のみを使用する。

演題番号：10

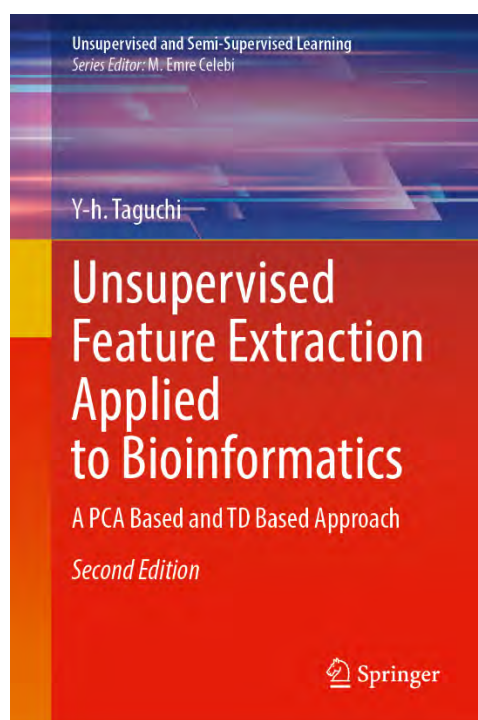
テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法のバイオインフォマティクスへの応用

氏名：田口善弘

所属：中央大学理工学部物理学科

要旨：

私は「テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法」を提案し多くのゲノム科学の問題に適用し、その成果を今回500頁の英語の研究書としてまとめることができた。これは2019年に刊行した300頁の同名の書物のセカンドエディションである。この内容について紹介する。



演題番号：11

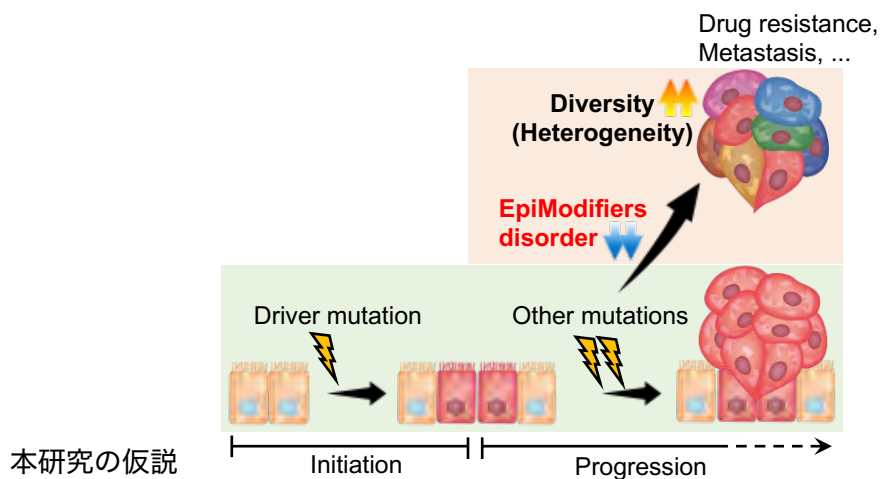
エピゲノム異常が助長するがん細胞の多様性解析

氏名：宮田 憲一^{1,2}, 丸山 玲緒^{1,2}

所属：¹公益財団法人がん研究会 がん研究所 がんエピゲノムプロジェクト,²公益財団法人がん研究会 NEXT-Ganken プログラム

要旨：

がん細胞は多様性に富む集団であり、この多様性のがんの悪性や治療抵抗性を高める根源となっているため、がん細胞が多様性を生み出す分子機構の解明は、がん根治のために重要であるが、依然として不明な点が多い。本研究では、がんで頻発しているエピゲノム改変因子 (EpiModifiers) の機能異常が多様性に関連している仮説に基づき、エピゲノム異常と多様性の関連性を明らかにすることを目的とした。まず、多くの膵がん患者で機能欠損している EpiModifiers の発現と多様性を公共データ (TCGA) を用いて解析した結果、EpiModifiers の発現レベルが低下している膵がん患者では多様性指数が高い傾向にあった。さらに、多様性が高い患者群では特定の遺伝子群がエンリッチしていることを見出した。本結果は、膵がん患者で見られる EpiModifiers の機能異常ががん細胞の多様化を助長し、これががんの悪性化を加速させる可能性を示唆している。



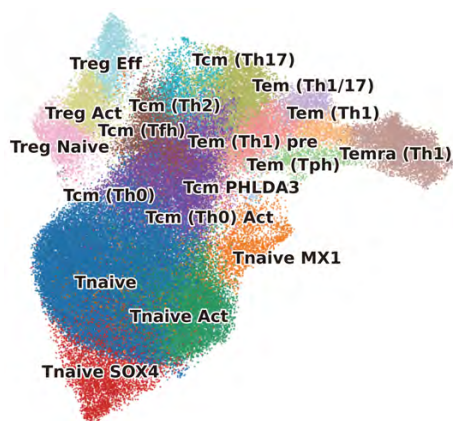
末梢血 CD4⁺ T 細胞の多様性解明を目指したメタアナリシス

氏名：竹内大貴¹，安水良明¹，森本 玲生¹，中村やまみ¹，坂口志文^{1,2}，大倉永也^{1,3}

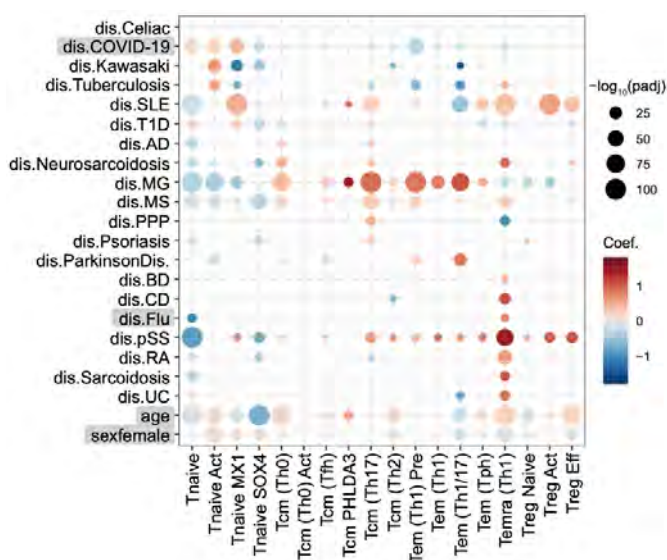
所属：¹大阪大学免疫学フロンティア研究センター実験免疫学，²京都大学医生物学研究所実験免疫学，³大阪大学医学系研究科基礎腫瘍免疫学共同研究講座

要旨：

本研究では末梢血 CD4⁺ T 細胞に着目したメタアナリシスによって自己免疫疾患の病態解明を目指した。世界人口の 3~5%が罹患している自己免疫疾患は病態解明、治療開発が急がれており、CD4⁺ T 細胞の関与が近年報告されている。しかし、CD4⁺ T 細胞と自己免疫疾患との関係はいまだ不明な点が多く、研究結果が異なる場合もある。原因の1つとして、CD4⁺ T 細胞のクラスター定義が不十分かつ統一性がなく、データセットの比較が困難という問題がある。そこで我々は、末梢血 CD4⁺ T 細胞の詳細なリファレンスを作成し、メタアナリシスによってこれらの細胞頻度の違いを捉え、頻度情報から疾患予測がある程度可能であることを示した。以上、本研究は自己免疫疾患における CD4⁺ T 細胞の多様性を明らかにしたことに加え、今後の研究に有用なリソースも提供している。



末梢血 CD4⁺ T 細胞のリファレンス



メタアナリシス結果

演題番号：13

TASUKE+：大規模な多型データや GWAS データを可視化するゲノムブラウザ

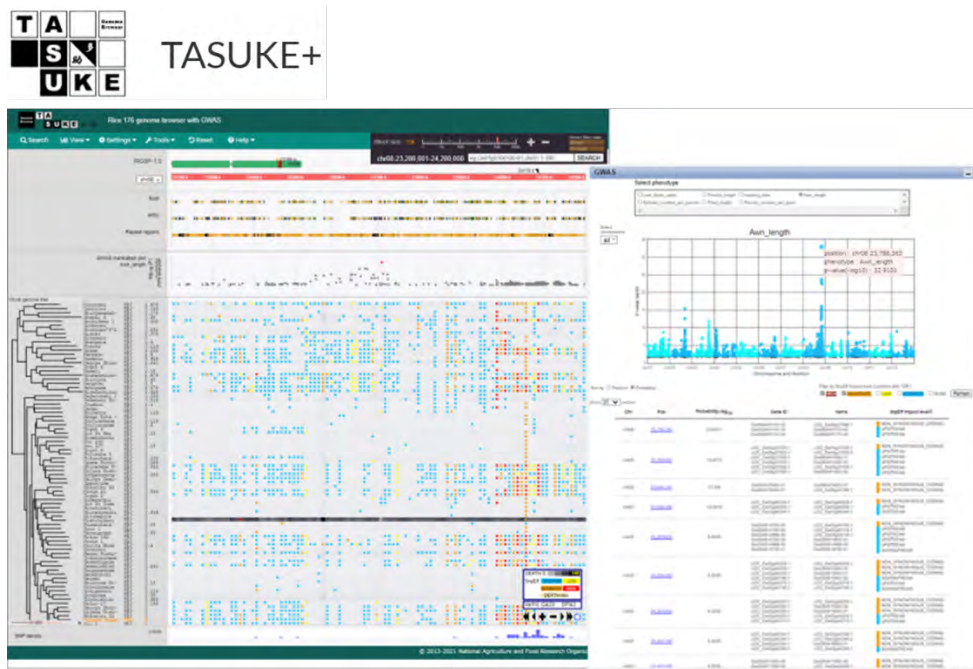
氏名：熊谷真彦¹，田部井紀雄²，川原善浩¹，坂井寛章¹，伊藤剛³

所属：¹農研機構高度分析研究センター，²ダイナコム株式会社，³国立台湾大学

要旨：

様々な生物種において、大規模なリシーケンスデータ取得やゲノムワイド関連解析（GWAS）が盛んにおこなわれている。これらのゲノムデータや表現型データは、それぞれの生物種の研究コミュニティのインフラとして活用が期待される。TASUKE+は、リシーケンスデータや GWAS の結果をデータベース化し、遺伝子アノテーション情報等と並列にウェブブラウザ上に表示し公開することができるツールである。TASUKE+によりデータ公開することで、情報解析技術の有無に関わらず、誰でもゲノム情報を活用することが可能になる。TASUKE+はゲノムを 1 ベース単位からメガベース単位で表示でき、詳細な遺伝子型から巨視的なパターンまでスムーズに観察できる。また、特定の遺伝子や領域の系統樹の作製や、多型に対しての PCR プライマーを設計することが可能である。最近のアップデートにより、数百から数千サンプルといった大規模なサンプル数にも対応した高速なブラウジングが可能である。

インネ TASUKE+：<https://tasuke-plus.dna.affrc.go.jp/>



演題番号：14

アダプティブサンプリングを用いた関心領域濃縮シーケンスの基礎検討

氏名：中林武尊^{1,2}，阿部公一^{1,2}，藤岡莉子^{1,2}，藤田由紀^{1,2}，郡健一郎^{1,2}

所属：¹株式会社エスアールエル，²合同会社 H.U.グループ中央研究所

要旨：

オックスフォードナノポアテクノロジーズ社のシーケンサーでは、関心領域（ROI）のみをシーケンスするアダプティブサンプリング（AS）という解析手法がある。全ゲノム解析用のライブラリを用い、シーケンス時に ROI を設定するだけで実施可能であり、全ゲノム解析で得られる情報（変異解析、構造多型、修飾塩基）を棄損することなく関心領域の濃縮が可能という利点がある。本研究では、濃縮率に影響する ROI 前後のバッファ領域の長さやインデックス付与によるマルチプレックス可能なサンプル数といった実験上の検討や、希少疾患関連遺伝子を対象領域とした際の変異解析の正確性・再現性等の情報解析の検討を行った。AS を活用することで、変異、構造多型、塩基修飾という複雑な情報を現実的な費用で一度に解析をすることが期待できる。本発表を通じ、将来的な臨床応用の可能性に関して議論したい。

演題番号：15

3D ゲノム解析で解き明かす細胞分化過程の転写制御機構

氏名：久保 直樹^{1,2}, Bing Ren²

所属：¹大阪大学 微生物病研究所 遺伝子機能解析分野,

² Department of Cellular and Molecular Medicine, University of California San Diego School of Medicine

要旨：

細胞種特異的な遺伝子発現プロファイルを決定付けるその転写調節機構を知るためには、ゲノムの大部分を占める非コード領域に存在する数多くの制御領域が、ターゲット遺伝子にどのように関与しているかを明らかにする必要がある。そこで重要な情報を提供するものが、遠位エンハンサーとその標的遺伝子からなるゲノム間相互作用(Enhancer-Promoter contact; E-P contact)などの 3D ゲノム情報であるが、解析技術等の制約もあり、未解明の点がまだ数多く残されている。我々は今回、Hi-C 法を応用した E-P contact の解析により、3D ゲノム構造形成の要となる CTCF タンパクや、H3K4me1 といった活性化ヒストン修飾が、マウス ES 細胞分化過程において E-P contact 形成と遺伝子発現にどのような影響を及ぼすのか、その詳細に迫り、複雑な細胞分化過程の遺伝子制御機構の一端を明らかにした。

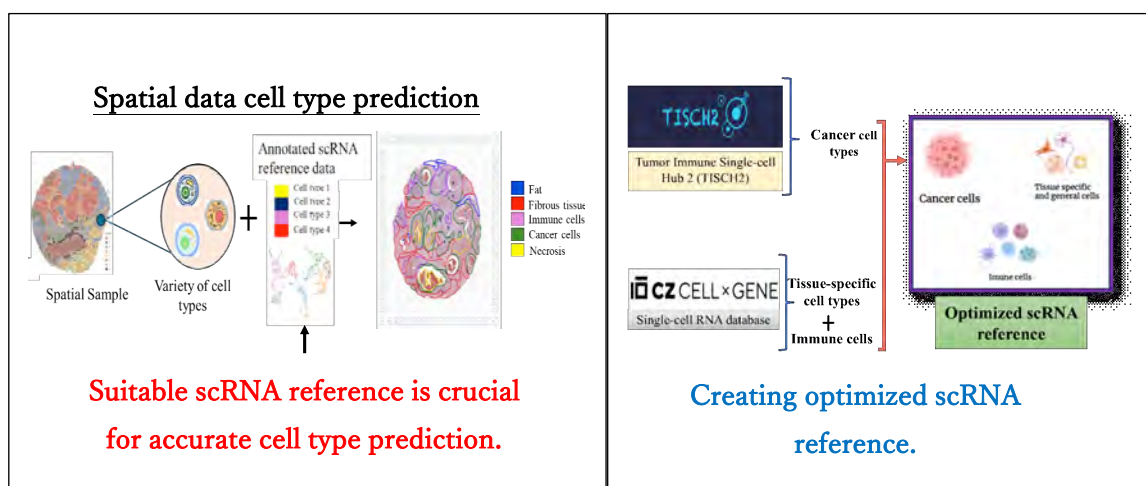
The Importance of Suitable Reference Data for Improved Cell Type Annotation Prediction in Spatial Transcriptomics Samples

氏名： Afeefa Zainab¹ and Alexis Vandenbon^{1,2}

所属：¹ Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, ² Graduate School of Biostudies, Kyoto University

要旨：

The various cell types that make up human organs and systems have physiological processes and functions closely linked to their spatial distributions and cellular interactions. Spatial transcriptomics technologies are very promising for studying these processes in their native states. One challenge of spatial transcriptomics data analysis is the prediction of cell type compositions at each spatial location. Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) data with labeled cell types is often used as a reference to accomplish this. However, predicted cell types or cell type compositions can differ strongly depending on the used reference. Often, scRNA-seq data is biased in its composition towards immune cell types and contains a relatively lower number of native tissue cell types. Moreover, depending on the conditions or disease states of the spatial dataset, relevant cell types (e.g., tumor cells) or cell states (e.g., activated immune cells) might not be present in the reference at all. On the other hand, the inclusion of non-relevant cell types in a reference results in less accurate predictions. There is therefore a need to prepare optimized scRNA-seq references for each spatial sample. Here, we present results exploring this topic using a large compendium of 10x Genomics Visium samples and a collection of scRNA-seq references. We illustrate the problems described above and present an approach for constructing suitable reference datasets.



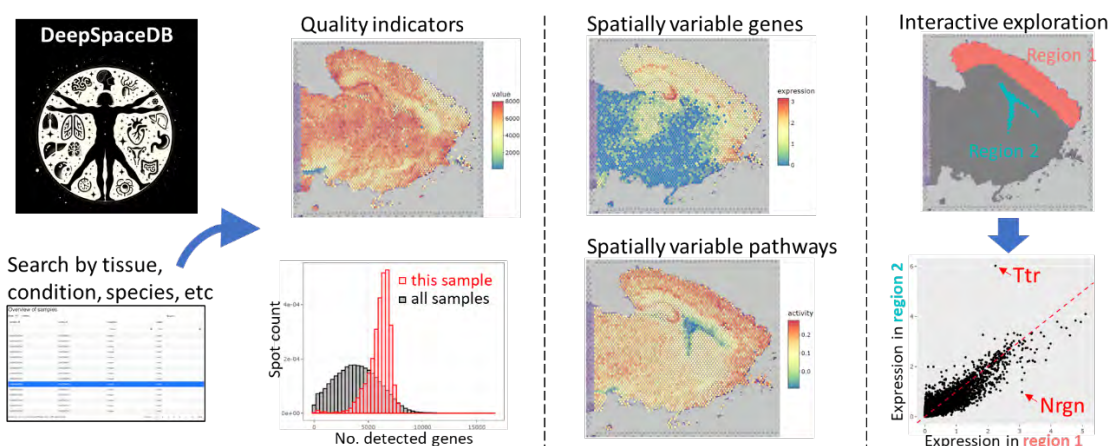
DeepSpaceDB: a spatial transcriptomics atlas that allows interactive in-depth analysis of tissues and tissue microenvironments

氏名：Alexis Vandenbon¹

所属：¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University

要旨：

Spatial transcriptomics enables researchers to study gene expression, the spatial structures, and disease states within tissues. However, this technology requires considerable financial resources and bioinformatics experience. Here, we present DeepSpaceDB, a spatial transcriptomics atlas that enables in-depth exploration of public spatial data. At present, DeepSpaceDB contains more than 1,000 Visium datasets. DeepSpaceDB allows users to inspect the quality of each sample as compared to other samples in the database. The roughly 1.5 million spots of all samples were clustered by similarity of their gene expression patterns into manually annotated clusters (ex: spots of the hippocampus, or tumor spots), facilitating the interpretation of structures within tissue slices. Furthermore, DeepSpaceDB allows users to compare the gene expression of interactively selected sets of spots, and any spot can be used as a query to search the entire database for similar spots. Finally, the database provides spatially variable genes and biological pathways, as well as predicted cell type compositions of the spots in all samples. We believe that DeepSpaceDB will be useful for generating new hypotheses, and for supporting the analysis of newly obtained spatial datasets. DeepSpaceDB is still being developed, but a beta version is available at www.DeepSpaceDB.com.



演題番号：18

A guided tour of DeepSpaceDB, a spatial transcriptomics database

氏名：Vladyslav Honcharuk¹ and AlexisVandenbon^{1,2}

所属：¹ Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, ² Graduate School of Biostudies, Kyoto University

要旨：

DeepSpaceDB is database of spatial transcriptomics data including more than 1,000 human and mouse Visium datasets. Here, we present a guided tour of the functions and features of DeepSpaceDB. DeepSpaceDB uses Python with Flask for the web framework, SQLite for the database, and Plotly for plotting functions. Users can search for their tissue and condition of interest. After selecting a sample for further inspection, DeepSpace allows the user to inspect the image data of the tissue, and several quality measures. Quality measures of each sample can be compared to those of other samples. Users can inspect spatially variable genes and spatially variable biological processes within the tissue. DeepSpaceDB also contains information about the predicted cell type composition of each samples, at each location inside the tissue. Finally, DeepSpaceDB contains several functions that allow users to interactively select spots of interest and examine gene expression patterns within and around those selected spots. DeepSpaceDB is still under development, but a beta version is available at www.DeepSpacedb.com.

「不可逆的」な遺伝子発現不均質性を促進・抑制するエピゲノム機構の発見

氏名：梶谷 卓也

所属：福井大学学術研究院工学系部門

要旨：

【背景】

近年、全ゲノムシーケンサーを用いた 1 細胞遺伝子発現解析技術が発達し、**遺伝的には均質な細胞集団であっても、個々の細胞の遺伝子発現がバラつき、不均質である**ことが次々と報告され、「シングルセル生物学」分野が勃興しつつある。しかし、現在の研究の潮流は、生体組織や臨床検体の**不均質性を網羅的に報告する「現象論」が中心であり、不均質な細胞が生まれる「メカニズム」の解明は進んでいない**。その主な理由は、不均質性発生頻度が低く、「発生の瞬間」を捕捉して解析することが困難なためである。そこで我々は、不均質性研究に単細胞生物である酵母を用いて「高頻度不均質性変異株」を取得するユニークな手法で、真核生物に普遍的な不均質性制御機構の解明を進めてきた。

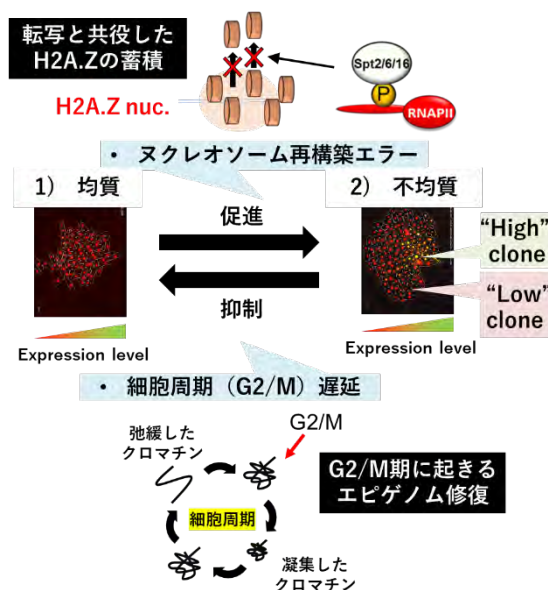
【結果】

遺伝子発現が OFF→ON に変化し、ON が不可逆的に維持される「分化→脱分化」型かつ「不可逆的」な不均質性を示す変異を取得し、以下の知見を得た。(図)。

- 1) 転写装置 RNA polymerase II(RNAPII) Ser7 リン酸化部位変異は不均質性を促進する。
- 2) RNAPII Ser7 リン酸化変異は、ゲノム全域で転写時に一時的に形成される H2A.Z を含む不安定なヌクレオソームが蓄積する。
- 3) RNAPII Ser7 リン酸化変異では、培養時間に比例して H2A.Z 蓄積が増加する。
- 4) H2A.Z 蓄積はヘテロクロマチン特異的ヒストン修飾 H3K9 メチル化を消失させる。
- 5) G2/M 期での遅延は、エピゲノム異常 (H2A.Z 蓄積と H3K9 メチル化消失) を顕著に解消する。

【結論】

不均質性促進には転写と共役したヌクレオソーム再構築エラーによる H2A.Z 蓄積が関与すること、G2/M 期にはエピゲノム異常の修復が起きること、G2/M 期遅延はエピゲノム修復を介して不均質性を抑制することを見出した (図)。



演題番号：20

視神経脊髄炎スペクトラム障害(NMOSD)トランスクリプトーム解析によるステロイド応答性クラスター

氏名：山村良平¹，小泉直史¹，佐野齋¹，木原圭梧¹，矢田知大¹，安水良明²，木下允¹，
奥野龍禎¹，望月秀樹¹

所属：¹大阪大学大学院医学系研究科 神経内科学，²Yale University Department of Neurology

要旨：

【背景】バイオ製剤の登場で NMOSD 治療方針が大きく変革しつつあるが、ステロイド減量に伴う再発予測バイオマーカーは未だ存在しない。本研究では NMOSD 患者においてステロイド減量による免疫動態の変化を分析した。【方法】当院に通院中の NMOSD 患者 10 名（うち 1 例は再発症例）にて、各 3-5 ポイントで PBMC を採取し、bulk RNA sequence を行った。【結果】再発症例にて、再発時に低下する遺伝子群は monocyte への集積を認め、IL-10 など抗炎症性 pathway が enrich していた。再発症例以外でも複数症例でステロイド漸減に伴い monocyte に集積する遺伝子群が変動し、発現上昇する群では炎症性 pathway が、発現低下する群では抗炎症性、グルココルチコイドレセプター関連 pathway などが enrich していた。WGCNA 解析にて、ステロイド投与量と相関する module を同定し、同 module は monocyte への集積を認めた。【結論】本研究の結果から、NMOSD 疾患活動性バイオマーカーの創出につながる末梢血トランスクリプトーム signature の同定が可能となった。

演題番号：21

カナリア由来コルミオウイルスの全長ゲノムの同定および性状解析

氏名：岸本麻衣^{1,2,3}，今井咲帆^{1,3}，堀江真行^{1,2,3}

所属：¹大阪公立大学 獣医学研究科 獣医微生物学教室，²大阪公立大学 大阪国際感染症研究センター，³大阪府立大学 生命環境科学域獣医学類

要旨：

ヒト D 型肝炎ウイルスに代表されるコルミオウイルス科ウイルス (KoV) は、自己相補性の高い環状 1 本鎖 RNA ゲノムを持ち、細胞核内で転写複製を行う。また KoV は、単独では感染性粒子を形成しないサテライトウイルスであり、共感染したヘルパーウイルスのエンベロープタンパク質を利用して感染性粒子を形成する。近年、様々な動物から多様な KoV が検出されている。鳥類カナリア由来 KoV は、他の哺乳類および鳥類 KoV と遺伝的に大きく異なることがわかっているが、これまで KoV のコードする唯一のタンパク質である DAg を含む転写産物の配列のみしか同定されていない。本研究では、公共 RNA-seq データの網羅的解析により鳥類カナリア由来 KoV の全長ゲノム配列を同定し、非常に特徴的かつ新規の感染・複製機構を有する可能性を明らかにした。

1 細胞解析で見る、PIWI-interacting RNA 研究モデル培養細胞の多様性

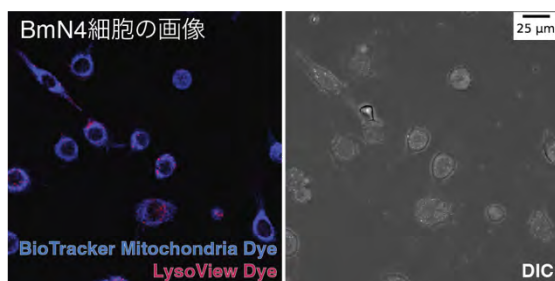
氏名：河崎史子¹，庄司佳祐²，泊幸秀^{1,3}

所属：¹ 東京大学定量生命科学研究科，² 東京農工大学生物システム応用科学府，³ 東京大学新領域創成科学研究科

要旨：

PIWI-interacting RNA (piRNA)は多くの生物が持つ小分子 RNA 種の一つであり、生殖細胞の形成過程において転移能を持つ有害な塩基配列（トランスポゾン）の活性を抑制し、ゲノム変異を防ぐ。その作用機序として、piRNA はトランスポゾンの転写抑制を誘導するとともに、トランスポゾン転写物の切断も担う。ここで重要なのは、piRNA は切断したトランスポゾン転写物から新たな piRNA を合成するという、ユニークな情報増幅の経路を持つということである。生殖細胞を介して継承された piRNA の情報は、このユニークな経路により次世代の胚において増幅され、さらにその次の世代へと伝播し続けることで、世代を超えたトランスポゾン抑制に寄与すると考えられている。このエピゲノム情報担体としてのポテンシャルゆえに、piRNA の生合成機序や作用機序の解明が精力的に進められている。

piRNA の生合成・作用の分子機構の検証には、上述の piRNA 増幅経路を保持していることが報告されているカイコ（*Bombyx mori*）卵巣に由来する培養細胞、BmN4 細胞が広く用いられている。しかし、培養中の BmN4 細胞は均一な細胞集団というわけではない。少なくとも顕微鏡観察下においては、多様な形態を持つ細胞の集団である（下図）。そこでこの多様性を分子生物学的な観点から理解するために、現在我々は BmN4 細胞の 1 細胞シーケンス解析を試みている。本発表では、BmN4 細胞の 1 細胞 RNA シーケンス解析から得られた知見、およびライブセルの顕微鏡画像とシーケンス情報を 1:1 で紐づける計測技術を用いた BmN4 細胞のマルチモーダル解析への試みについて報告する。



RamDA-seq®による FFPE 由来 RNA からの RNA-seq 解析

氏名：武田貴成

所属：東洋紡株式会社 バイオテクノロジー研究所

要旨：

空間トランスクリプトーム技術や、がん遺伝子パネル検査など、臨床検体、特に FFPE を用いた RNA-seq による解析の需要は急速に高まっている。FFPE は多くの場合、含有する RNA が微量かつ分解・損傷しており、安定した解析・診断の妨げとなり得るため、画期的な解析手法の開発が求められている。

他方、RamDA-seq®は理化学研究所によって開発された画期的な技術で、non-polyA RNA に対応した微量 RNA からの RNA-seq 解析手法である。さらに RamDA-seq®は PCR に依らない、RNA を鋳型にした cDNA 増幅法を用いるため、増幅のバイアスが小さく、発現量の少ない遺伝子の検出に強みを持つ。本研究では、このような特長を持つ RamDA-seq®を活用した、FFPE からのより精度の高い RNA-seq 解析法の樹立を目指した。

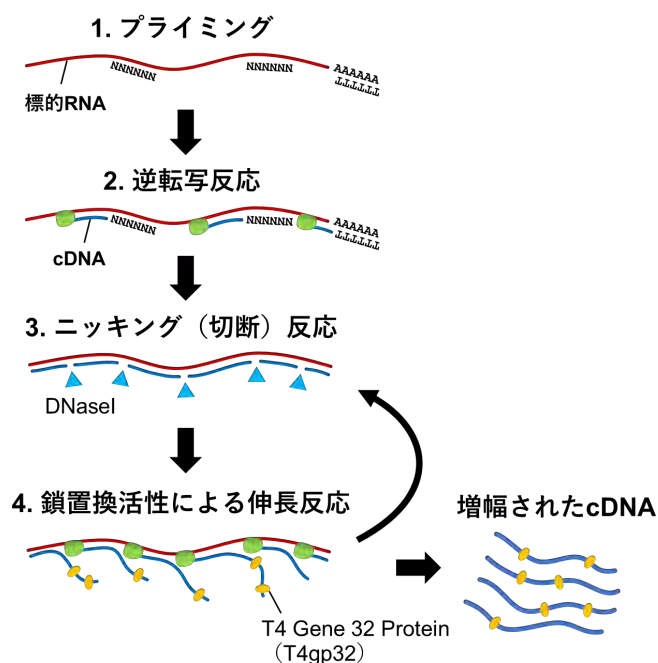


図. RamDA-seq®の反応メカニズム

演題番号：24

Overview of the Human Cell Atlas

氏名：安藤 吉成^{1,2}

所属：¹理化学研究所生命医科学研究センター, ²Human Cell Atlas Executive Office

要旨：

The **Human Cell Atlas (HCA)** is an international collaborative consortium that is creating comprehensive reference maps of all human cells as a basis for understanding human health and for diagnosing, monitoring, and treating disease and that charts the cell types in the healthy body, across time from development to adulthood, and eventually to old age. The HCA is likely to impact every aspect of biology and medicine, propelling translational discoveries and applications and ultimately leading to a new era of precision medicine.

I'll present the latest update of the HCA including HCA Data Ecosystem (how the data are managed), HCA atlas integration, HCA Archive and HCA activities in Asia.

演題番号：25

特別な装置を必要としない大規模 Single Cell RNA-Seq 法 PIP-seq の検証

氏名：市川巧^{1,2}, 岩山佳美^{1,2}, 笹川洋平^{1,2}, 二階堂愛^{1,2}

所属：¹理化学研究所 生命機能科学研究センター バイオインフォマティクス研究開発チーム,²東京医科歯科大学 難治疾患研究所ゲノム応用医学研究部門 ゲノム機能情報分野

要旨：

PIP-seq (Particle-Templated Instant Partitioning Sequencing) [1]は、特殊な流体デバイスや機器を必要とせず、粒子テンプレートエマルジョンを利用して Single Cell RNA-Seq を行うことができる技術である。この技術では、ボルテックス混合だけで単一細胞のカプセル化と cDNA のバーコード化を均一な液滴内で行うことができ、大量のサンプルを手軽に処理できる。また特別な高額装置を利用しないため初期の導入コストが低い。さらに PIP-seq の商用化キットには、サンプルの前処理からライブラリー調製、シーケンシング、データ解析までのワークフローが公開されており、データ解析には PIPseeker というソフトウェアが用意されている。

当研究室では、PIP-seq の技術検証のため PIPseq T20 3' Single Cell RNA Kit v4.0PLUS[2] および PIPseeker を用い、human PBMC サンプルに対して約 4 万細胞の Single Cell RNA-Seq を実施した。本発表では、これらの結果に加えて、既存の Single Cell RNA-Seq 手法と性能比較の結果を示す。

1: <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01685-z>

2: <https://www.fluentbio.com/products/pipseq-v-t20-3-single-cell-rna-kit/>

演題番号：26

慶應-理研 IMS 共同研究プログラム：HuMED

氏名：古家育子, 安藤吉成, Chung-Chau Hon

所属：理化学研究所 IMS 遺伝子制御ゲノミクス研究チーム

要旨：

理化学研究所生命医科学研究センター（IMS）では、2021 年 4 月より、様々な疾患、臓器・組織を対象とし、ヒト臨床試料のシングルセル解析から得られる知見・知識を、「ヒトの生物学と医学」の社会的利益として最大限に活用することを目的として、慶應義塾大学医学部との共同研究プログラム Keio-RIKEN Human Biology and Medicine (HuMED) を進めている。HuMED プログラムでは、慶應義塾大学信濃町キャンパス内に共同研究拠点を設置しており、現在までに約 20 の研究グループとシングルセル解析を中心とした共同研究を推進している。

本発表では、HuMED プログラム並びに本プログラムで 500 以上のシングルセル RNAseq ライブラリを作製し、そこで得られたライブラリ作製の tips を紹介したい。

演題番号：27

Dissecting heterogeneity in liver pathophysiology using spatial transcriptomics

氏名： Hongyi Zhao^{1,2}, Shinpei Kawaoka³, Alexis Vandenbon^{1,2}

所属：¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, ²Graduate School of Biostudies, Kyoto University, ³Department of Integrative Bioanalytics, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University

要旨：

The liver has a complex spatial structure and cellular composition. Cells within the liver perform specific biochemical tasks based on their proximity to the bloodstream, a phenomenon known as liver zonation. Liver zonation plays a crucial role in maintaining energy balance, metabolism, detoxification, and other physiological processes. Here, we used spatial transcriptomics to explore the impact of various physiological and pathological states on liver zonation in mice. We analyzed liver samples from mice with distal colon or breast cancer, cancer metastasis in the liver, obesity, and from different age groups (newborn, juvenile and adult) as well as healthy controls. We found that liver zonation in mice with colon cancer did not show significant differences compared to normal mice. However, liver samples from mice with breast and liver cancer exhibited significant disruptions in functional zonation, with particularly strong interference by breast cancer. In the livers of mice fed a Western diet, pathways related to fat metabolism were significantly upregulated. Through principal component analysis (PCA) of spatial transcriptomics data, we further discovered that healthy liver samples are clearly distinct from cancer-bearing and obese mice. Additionally, the liver of newborn mice did not exhibit clear zonation features identifiable through the expression of the Albumin and Cyp2e1 genes. Overall, these findings reveal how pathological states can significantly alter the molecular landscape and functional structure of the liver.

ウニ FLVCR 遺伝子機能解析と FLVCR 遺伝子ノックアウト胚の表現型観察

氏名：竹本大悟¹，渡辺 開智，三澤祐太郎，坂本尚昭，栗津 暁紀

所属：¹ 広島大学大学院統合生命科学研究科

要旨：

Feline leukemia virus subgroup C receptor-related protein (FLVCR) は、哺乳類から魚類や鳥類、昆虫に至るまで様々な生物に Ortholog が存在し、進化的に保持されてきた遺伝子である。FLVCR はヘム輸送蛋白をコードし、発育中の赤血球をヘム毒性から保護するなど赤血球の成熟へ関与すると考えられている。最近では、ヒト FLVCR がヘムの細胞外輸送に加えて重要な栄養素であるコリンの輸送機能を備えていることも示唆された¹。またこの分子はその名の通り、ネコ白血病ウイルスサブグループ C (FeLV-C) の受容体として知られており、FeLV-C 感染することで重篤な貧血を引き起こすことがある。しかし、赤血球を持たないウニやハエ、線虫などにおいても FLVCR が発現していることから、ヘム輸送蛋白としての機能の他に旧口・新口を問わない動物に共通的な未だ知られていない機能を持つと考えられる。

そこで本研究では、その祖先種が新口動物の進化の初期に分岐した棘皮動物（ウニ）における FLVCR の機能を考察するため、(i) シングルセル dry 解析ツールを用いた *Strongylocentrotus purpuratus* (*S. purpuratus*) の single cell RNAseq データ^{2,3} 解析、及び (ii) CRISPR-Cas9 を用いたバフンウニ胚の *Flvcr* (like) ノックアウトによる表現型解析を行い、形態形成に及ぼす影響を考察した。結果として、ウニ FLVCR はコリン輸送を通じた骨格・筋肉形成、成体原基形成に関与することが示唆され、進化的に保持された本来の機能はコリン輸送を介した形態形成調節であることが考えられた。本発表ではこれらの結果を踏まえて FLVCR の機能及びウニにおける形態形成への影響について考察する。

1. Weng, T.-H. *et al. bioRxiv* 2023.09.15.557925 (2023)
2. Foster, S. *et al, Development (Cambridge)* 147, (2020).
3. Cocurullo, M. *et al*, (2023) preprints202308.0376.v1.

演題番号：29

Single cell RNA-seq による冠動脈疾患及び頸動脈硬化症におけるプラーク不安定化要因の考察

氏名：吉田武司

所属：神戸大学科学技術イノベーション研究科先端医療学分野

要旨：

【背景・目的】急性冠症候群（ACS）や脳梗塞といった疾患は、発症すると致死的な疾患であり、その予防が極めて重要である。慢性炎症により引き起こされる動脈硬化プラークの破綻が原因であると考えられるが、その発症メカニズムは、分かっていないことが多い。本研究では、single cell RNA-seq を用いて、冠動脈疾患の中でも慢性冠症候群（CCS）と ACS のプラーク、および頸動脈硬化症の中で、脳梗塞の有無によるプラークの骨髄細胞の特徴や代謝の違いを明らかにし、プラーク不安定化メカニズムを解明することを目的とした。

【結果】ACS の骨髄細胞では IL1B+inflammatory マクロファージ(Φ)の Glycolysis 代謝が活性化し、頸動脈硬化症では TREM2+fibroticΦ で同様の活性化が見られたことから、IL1B+inflammatoryΦ の ACS への関与、そして冠動脈疾患、頸動脈硬化症間の活性化免疫細胞の差異並びに代謝的差異を示唆する結果が得られた。また、両疾患で上記と同様の細胞集団において Glycosaminoglycan degradation (GAG-deg) 代謝と MMP19 の発現が高く、血管リモデリングに関与している可能性が示唆された。

【考察】ACS において IL1B+inflammatoryΦ や、両疾患において GAG-deg 代謝、および MMP19 が治療標的となりうると考えられる。

演題番号：30

ハイブリダイゼーション法によるターゲットロングリードシーケンス

氏名：生井聡史¹，吉崎史子¹，石井善幸¹，関真秀²，鈴木穰²

所属：¹アジレント・テクノロジー（株）診断・ゲノミクス部門，²東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻情報生命科学講座

要旨：

ロングリードシーケンスは、反復配列や複雑な構造変異といった、ショートリードシーケンスでは解析が難しいようなゲノム領域を解析するための強力なツールである。その一方で、低コスト化やハイスループット化が課題となっており、目的の領域のみをターゲットとして解析する方法が求められている。SureSelect ターゲットエンリッチメントシステムは RNA プローブを用いて目的の領域のみを濃縮するハイブリダイゼーションキャプチャーテクノロジーであり、ショートリードシーケンス用に最適化されている。そこで我々は、ロングリードシーケンス用にプロトコルの改良を行った。サイズセレクション、PCR 酵素の変更、ハイブリダイゼーション/キャプチャーの条件検討を行い、500 ng の DNA インプットから N50 リード長が 5.3kb のライブラリを得ることが出来た。2.67 Mb をターゲットとするプローブでキャプチャーし、Oxford NanoPore 社 PromethION Flow Cell (FLO-PRO114M) で 8-plex の解析を行い、1 サンプルあたり>75%のオンターゲット率、Coverage は 80%以上の領域が 100x 以上という高いパフォーマンスを得ることが出来た。Short read ではカバレッジが低下しがちな TERT プロモーター領域などで高いカバレッジを得られることも示した。

演題番号：31

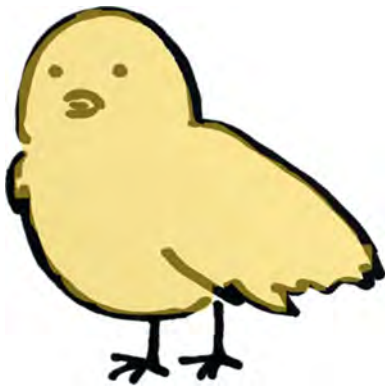
G および M 遺伝子を欠損した新規ボルナウイルスの発見

氏名：今井咲帆¹，岸本麻衣^{1,2}，川崎純菜⁴，堀江真行^{1,2,3}

所属：¹ 大阪府立大学生命環境科学域獣医学類，² 大阪公立大学 大学院獣医学研究科 獣医微生物教室，³ 大阪公立大学 大阪国際感染症研究センター，⁴ 千葉大学大学院医学研究院

要旨：

近年、大規模なメタゲノム解析により多くのウイルスが同定されているものの、部分配列のみが同定されたウイルスについては十分に解析されておらず、新規ウイルス配列が見落とされている可能性がある。本研究では、先行研究においてカナリア由来 RNA-seq データより検出された、ボルナウイルス科カルボウイルス属のウイルスと配列類似性を示す新種のウイルス（カナリアカルボ様ウイルス：ScCLV）の部分配列に着目し解析を行い、ほぼ全長のゲノム配列を決定した。ScCLV は感染性粒子の形成に必須の構造タンパク質をコードする G および M 遺伝子を欠損しているとともに、同科オルソボルナウイルス属のウイルスが高率に共感染していることが示された。これらのことから ScCLV は共感染ウイルスの構造タンパク質を利用し、粒子形成を行う可能性が示唆された。



演題番号：32

ARID1A タンパク質の発現と機能を考慮した新たな子宮内膜癌患者の層別化：マルチオミクスデータの効率的利用に向けて

氏名：SONG JUNSOO

所属：大阪大学 蛋白質研究所 計算生物学研究室

要旨：

SWI/SNF 複合体のサブユニットである ARID1A は、高頻度の遺伝子変異が報告され、子宮内膜癌における転写機能制御への関与が知られている。ARID1A の変異、機能、およびタンパク質発現を総合的に考察することは、その生物学的役割を理解するために不可欠であるが、従来の患者層別化手法は変異や mRNA 発現のみに基づいており、タンパク質の機能的活動を十分に捉えることができない。高コストな新規プロテオミクス実験を回避し、公開されたマルチオミクスデータを効果的に利用することが理想的であるが、オミクス領域間のデータ量の差異が原因で、データの効率的な利用が困難となっている。この問題に対処するため、我々は新たな患者層別化手法を開発した。まず、トランスクリプトミクス、エピゲノミクス含むマルチオミクスデータと、タンパク質間相互作用、および KEGG パスウェイを使用して訓練された機械学習モデルを構築し、ARID1A タンパク質発現量を予測した。次に、予測モデルの予測値により欠損データを補った ARID1A タンパク質発現量と、ARID1A が直接転写制御する遺伝子群発現に基づいて定義した ARID1A 活性レベルを用いて、ARID1A タンパク質の発現と機能を考慮した層別化を実施した。TCGA および CPTAC データセットを用いて我々の予測モデルを評価し、RPPA および LC-MS/MS で定量化されたプロテオミクスデータへの適用が可能であることを実証した。また、発現変動遺伝子群 (DEGs) を同定し、我々のアプローチが mRNA 発現に基づくグループで検出されるのと同様のバイオマーカーの発現変動を捉えるだけでなく、本手法でのみ観測される変動遺伝子群を見出した。

演題番号：33

フックス角膜内皮ジストロフィ患者の角膜内皮におけるスプライシング異常の検討

氏名：湯浅太智¹, 奥村直毅¹, 稲垣蒼一郎¹, 中川達也¹, 徳田雄市², 中野正和², 田代啓²,
Theofilos Tourtas³, Ursula Schlötzer-Schrehardt³, Friedrich Kruse³, 小泉範子¹

所属：¹同志社大学大学院 生命医科学研究科, ²京都府立医科大学大学院 ゲノム医科学,
³University of Erlangen-Nürnberg, Department of Ophthalmology

要旨：

フックス角膜内皮ジストロフィ (FECD) は角膜内皮が障害され、視力障害を引き起こす疾患である。*TCF4* 遺伝子のイントロン上にある CTG 反復配列 (triplet nucleotide repeat; TNR) の 50 回以上の伸長は最も強く疾患に関係する遺伝子変異である。TNR による RNA foci が *MBNL1*, *MBNL2* などのスプライシング調節因子の働きを障害することが報告されているが不明点も多い。本研究では TNR が 50 回以上 (Expansion) と以下 (No Expansion) の FECD 患者由来の角膜内皮において、健常者由来の角膜内皮と比較して発現が変動しているスプライシングパターンを RNA-Seq により検討した。健常者に比べて Expansion 患者では 1,765 個、No Expansion 患者では 2,239 個のスプライシングパターンに発現変動が認められた。また、特に Expansion 患者において、*MBNL1*, *MBNL2*, およびこれらに制御される遺伝子のスプライシング異常が確認された。今後、FECD の病態におけるスプライシング異常の詳細を明らかにすることで病態解明および新たな創薬ターゲットの発見に繋がると考えられる。

空間トランスクリプトーム解析のための線形計画法を用いた細胞領域と細胞種の推定手法

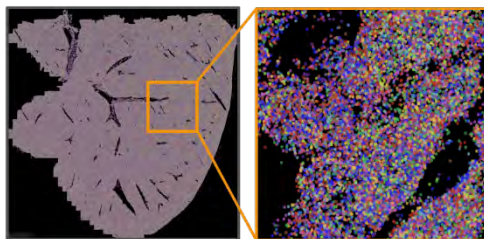
氏名：杉山響¹，瀬尾茂人¹，梅谷俊治¹，繁田浩功¹，岡田寛之²，箭原康人³，菊田順一⁴，松田秀雄¹

所属：¹大阪大学大学院情報科学研究科，²東京大学大学院医学系研究科，³大阪大学大学院医学系研究科/生命機能研究科，⁴神戸大学大学院医学研究科

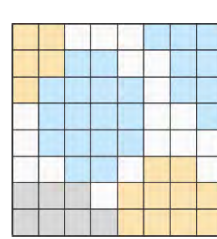
要旨：

空間トランスクリプトーム解析は、空間情報を保持したまま遺伝子発現を測定する手法として、近年注目されている。この解析では、まず各細胞の領域を推定し、細胞ごとの遺伝子の種類と発現量から細胞種を推定する処理が行われる。個々の細胞種は異なる機能を持つため、この処理を通じて生命現象を詳細に理解できるようになることが期待される。細胞領域の推定には染色画像を用いる手法が一般に用いられる。しかしながら、染色画像は細胞領域そのものを示す訳ではないため、正確な領域推定は困難である。そこで本研究では、シングルセル遺伝子発現解析で得られた参照データを利用した、線形計画法による細胞領域と細胞種を同時に推定する手法を提案する。いくつかの種類の空間トランスクリプトームデータに対し、提案手法を適用することで、その有効性を検証する。

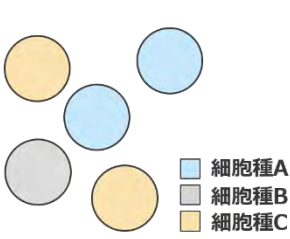
空間トランスクリプトームデータ



各領域の細胞種の推定



細胞領域の推定



演題番号：35

那珂川産天然アユの脳における遺伝子発現の Lasy-Seq による網羅的解析

氏名：齋藤祐希¹，澤村優子¹，鹿島誠²，武田維倫³，飯郷雅之¹

所属：¹宇都宮大学大学院地域創生科学研究科工農総合科学専攻，²東邦大学理学部，³栃木県水産試験場

要旨：

那珂川に生息するアユ (*Plecoglossus altivelis*: 条鰭類キュウリウオ目アユ亜科) は両側性回遊魚である。秋に産卵された卵が孵化すると仔魚はただちに降海する。冬季に動物性プランクトンを食べて成長すると春季にシラスアユから稚アユに変態し河川に遡上する。溯上したアユは河川の上・中流域で成長するが、食性は動物性プランクトンから藻類に変化し、行動形態が集団行動から攻撃行動を伴うナワバリ行動をとる個体も現れる。秋季に日長が短くなると顕著な光周性を示して生殖腺が発達し、落ちアユとなって集団で降下し、河川の中・下流域で産卵し、一生を終える。このようにアユの一生には、浸透圧調節、変態、食性、攻撃行動、季節繁殖などさまざまな生理・行動の変化が内包されており興味深い生物である。そこで本研究においては、海洋生活期から産卵期に至る様々な成長ステージの天然アユを那珂川で採捕し、Lasy-Seq による mRNA-seq を行い、脳における mRNA 量の変化の網羅的解析を試みたので報告する。



×



= ?

演題番号：36

次世代シーケンサーを活用した DNA レベルでの生物多様性調査

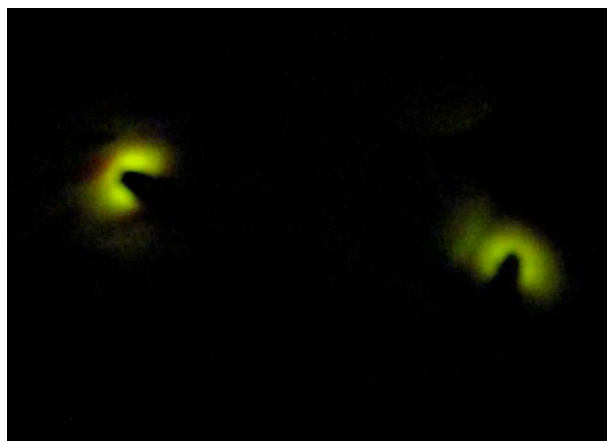
氏名：飯郷雅之

所属：宇都宮大学農学部

要旨：

生物多様性は、生態系の多様性、種の多様性、遺伝子の多様性の3つのレベルに分けて捉えられる。中でも遺伝子レベルの多様性は外見からは判断し難く、DNA シーケンスを行わなければ明らかにできない。

我々は、高校生や地域のこどもたちとともに主に栃木県内で生物多様性調査を行い、その際に採集された試料を対象に次世代シーケンサーを活用して DNA シーケンスを行い、遺伝子レベルでの生物多様性を調べている。これまで行なった、淡水産二枚貝、昆虫、深海性魚類などの研究結果を報告する。



長鎖 DNA シーケンサーによる cDNA 解析技術の導入

氏名：矢野 実, 笹川 洋平, 岩山 佳美, 市川 巧, 二階堂 愛

所属：東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム機能情報分野

要旨：

RNA スプライシング変化は発生や老化、精神疾患やがんなどの疾患との関連が知られている。RNA スプライシング変化を捉えるには、長鎖 DNA シーケンサーによる長鎖 cDNA シーケンス解析 (cDNA-seq) が有用である。そのなかでも Oxford Nanopore Technologies (ONT) 社の Nanopore シーケンサーは得られるシーケンスリード出力量が多く、リード数を必要とする cDNA-seq に適している。

一方で、ONT 社の DNA シーケンサーの導入は普通の DNA シーケンサーより難しい。なぜなら、ONT 社のシーケンサーは、シーケンスの品質向上のため、シーケンス試薬やソフトウェアなどのアップデートが頻繁にあり、その現状や課題を定量的にかつ網羅的に把握するのが困難なためである。

我々は、ONT 社の小型機 Mk1c (MinION /Flongle flowcell)、中型機 P2 solo (PromethION flowcell) を導入し cDNA-seq を実施した。性能評価のため、ONT 社が公式リリースしているゲノム DNA の性能情報と比較した結果、我々が得たデータ量やデータ品質が公称スペックに劣ることがわかった。そこでユーザーコミュニティで報告されている事例と合致するか確認しながら、スペックの差の原因を明らかにするための定量解析を行った。

まず、シーケンス品質 においてフローセル依存性 やスタートマテリアルの DNA サイズ長に依存性があること、ただしシーケンスライブラリ DNA に供するスタートマテリアルの DNA 精製度合いとは関連しないことがわかった。次に、シーケンスライブラリ作製に必要な DNA 量や、途中段階の DNA 精製効率などを定量的に計測した。これらの結果から、シーケンスに必要な DNA 量を低減することやシーケンス品質 を落とすステップを回避することに成功した。最終的に、cDNA の現在の Quality score は median 22.7 (E8.2.0 motor を使用) であり、シーケンス品質の高いデータが得られるようになった。さらにアイソフォームレベルの遺伝子発現の定量解析ツールである scNanoGPS[1]を用いて DNA バーコード付き cDNA-seq データ解析パイプラインを構築し、多検体 cDNA-seq を実現した。

本発表では、これらの結果に加えて、ショートリードシーケンサーとのシーケンスコスト比較についても示す。さらに、ONT 社の DNA シーケンサーにとって重要であるシーケンサー制御やベースコールのためのコンピューターインフラストラクチャや、それに応じたシーケンス実験計画の立案について紹介する。

1. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-39813-7>

演題番号：38

M2 to M1 repolarization of tumor-associated macrophages via the lysosomal effect of Itraconazole.

氏名：瀧本裕美， 鰐本浩志， 阪田和子， 谷口路善， 上田友子， 馬淵誠士

所属：兵庫医科大学病院産科婦人科学講座

要旨：

【目的】イトラコナゾール(ITZ)はヒト白血病細胞から誘導したマクロファージを M2 から M1 への再分極を介して抗腫瘍効果を示す。本研究では、この機序を解明するため、シングルセル解析と多重免疫細胞染色を行った。【方法】ITZ を添加した M2 マクロファージと添加していない M2 マクロファージに対して表面標識による scRNA-seq を行った。また、コレステロール、IL-1 β 、リソソームを免疫細胞染色で確認した。【結果】scRNA-seq の結果、ITZ 添加により出現したクラスターは M1 プロファイリングを示しリソソームの生合成に関わるパスウェイが有意に抽出された。免疫蛍光染色でも ITZ を添加するとコレステロールの蓄積によりリソソームが腫大することがわかった。【結論】ITZ の作用としてリソソームからのコレステロール排出抑制が示唆された。

複数の公共データベースからの RNA データを用いた心筋細胞増殖関連遺伝子の同定と解析

氏名：呂潔珮¹, 李俊², 日高京子³, 李鍾國²

所属：¹大阪大学大学院医学系研究科循環器内科学, ²大阪大学大学院医学系研究科心血管創薬再生医学共同研究講座, ³北九州市立大学基盤教育センター

要旨：

心筋細胞は生後すぐに分裂能力を失い、ごく限られたレベルでしか増殖しないため、再生医療における心筋再生は、心疾患患者の治療に大きな可能性を秘めている。一方、ヒト iPS 細胞心筋細胞 (hiPSC-CM) については、大量に細胞を得ることが、細胞治療を行う上での重要な鍵となっているが、hiPSC-CM の増殖制御メカニズムについては未だ解明されていない部分が多い。近年、公共データベースに蓄積された膨大な RNA データを利用し、これらのデータを統合・解析することで、心筋細胞増殖に関与する遺伝子の同定およびその機能解明が可能となってきた。

本研究では、公共データベースを用いて、心筋細胞増殖関連因子の同定を試みた。複数のデータセットを統合し、情報科学や計算生物学的手法を適用して解析を行った。具体的には、DESeq2 による正規化と低発現遺伝子の除去、バッチ効果補正を行い、TPM (Transcripts Per Million) による発現量の標準化、統合データに加重遺伝子共発現ネットワーク解析 (WGCNA) を適用して共発現モジュールを構築し、高相関モジュールを選定した。次に、GO エンリッチメント解析と KEGG 経路解析により増殖関連経路を特定し、胚胎期と新生児期の差次的発現遺伝子 (DEG) との比較により重要遺伝子を絞り込んだ。その結果、従来の方法では捉えきれなかった微細な増殖活動の変化を検出することに成功した。また、同定された遺伝子群と増殖活動の相関分析から、hiPSC-CM 細胞の増殖を促進する可能性のある新たなターゲット候補を見出した。

以上のことから、複数の RNA データセットを統合して解析することで、心筋細胞増殖に関与する遺伝子の特定と機能解析が効率的に行えることが示され、発生過程における細胞増殖の動態とその調節機構について新たな視点が得られた。同定された候補については、現在その細胞増殖における機能について解析を進めている。

演題番号：40

イエネコ内在性レトロウイルスによる ゲノムの立体構造形成および転写への影響の解析

氏名：後藤梨久都, 坂本 尚昭, 栗津 暁紀

所属：広島大学大学院統合生命科学研究科

要旨：

イエネコが多彩な毛色を持つ原因の一つに、内在性レトロウイルス(Feline endogenous retrovirus 1: FERV1)およびその末端配列(long terminal repeat: LTR)の有無による、遺伝子多型がある(David et al. 2014)。しかし、FERV1 や FELV1-LTR、及びその相同遺伝子座が近傍の遺伝子の発現制御にどのように関係しているかは明らかになっていない。

そこで本研究では FELV1-LTR およびその相同配列群(FERV1-LTR 群)に着目し、公共データベースを用いたデータ解析から FERV1-LTR 群の機能を考察した。解析の結果として、FERV1-LTR 群にはクロマチンの立体構造を制御するタンパク質が結合する配列モチーフが存在し、また Hi-C データの解析からイエネコゲノム内の FERV1-LTR 群のいくつかの配列では、ループドメインの境界を形成していることが示唆された。また、RNA-seq データの解析から FERV1-LTR 群が遺伝子のイントロンに存在する場合、その遺伝子内の上流部分と下流部分の発現量比にばらつきが生じることが明らかとなった。これらの結果から FERV1-LTR 群の遺伝子発現への影響が示唆される。

参考文献

David et al. 2014. *G3 (Bethesda)*

演題番号：41

ヒト iPS 細胞由来神経細胞におけるゲノムワイドなマイクロエキソンの検出

氏名：○川越 凜, 笹川 洋平, 山根 万里子, 二階堂 愛

所属：東京医科歯科大学難治疾患研究所ゲノム機能情報分野

要旨：

ゲノムに存在する 30 塩基未満の小さなエキソンを、マイクロエキソンという。マイクロエキソンは、長いエキソンに比べて脊椎動物全体で配列保存性が高く、タンパク質の機能部位付近のアミノ酸をコードする特徴がある。マイクロエキソンは神経細胞特異的に発現することから、神経細胞の機能に重要であるとされている。

自閉症などの神経疾患との関連も知られており、マイクロエキソンを介した疾患メカニズムの解明が期待されている。神経疾患のモデルとしては、近年 iPS 細胞が活用されている。マイクロエキソンと疾患の解析にも有用だと考えられるが、ヒト iPS 細胞でマイクロエキソンを網羅的に検出した例は存在せず、発現変動や検出率などの情報は得られていない。

そこで、本研究では、ヒト iPS 細胞を用いて、神経細胞誘導過程でのマイクロエキソンの検出、発現変動解析を行なった。

その結果、前脳グルタミン酸および GABA 作動性ニューロンへの分化過程で、全部で 839 個のマイクロエキソンを検出した。検出したマイクロエキソンの多くは神経細胞の成熟段階で発現量が上昇し、細胞接着や膜輸送関連の機能を持つ遺伝子に濃縮していた。また、タンパク質のモチーフ解析の結果、マイクロエキソンの約 4 割がタンパク質の機能部位に重複するとわかった。中には、APBB1 や MED23 など、立体構造から複合体形成への影響が示唆されるマイクロエキソンも含まれた。

現在、神経疾患の患者由来 iPS 細胞を用いた解析および、運動神経や感覚神経など別の系譜の神経細胞での解析も進めている。発表では、そちらの結果についても議論したい。

演題番号：42

フックス角膜ジストロフィ患者の角膜内皮における RNA-Seq データを用いたイントロンリテンションの検討

氏名：稲垣蒼一郎¹，奥村直毅¹，奥村直毅¹，Theofilos Tourtas²，Ursula Schlötzer-Schrehardt²，Friedrich Kruse²，徳田雄市³，中野正和³，小泉範子¹

所属：¹同志社大学大学院 生命医科学研究科，²University of Erlangen-Nürnberg, Department of Ophthalmology, ³京都府立医科大学大学院 ゲノム医科学

要旨：

フックス角膜内皮ジストロフィ (FECD) は、デスメ膜への異常な細胞外マトリックスの沈着により角膜内皮が障害され、視力障害を引き起こす疾患である。FECD の遺伝的特徴として、TCF4 遺伝子のイントロンにおける CTG 反復配列 (トリプレットヌクレオチドリピート、TNR) の異常伸長や、RNA フォーカイによるスプライシング異常が報告されている。本研究では、スプライシング異常の一種であるイントロンリテンション (IR) に注目し、RNA-Seq データを用いて IR を網羅的に調査するため、IRFinder を使用した。解析の結果、FECD 患者の角膜内皮では 4 種類の遺伝子において合計 6 箇所の有意な IR が認められた。一方、健常者では 2 種類の遺伝子において合計 5 箇所の有意な IR が確認された。特に、健常者で有意に IR が確認された FN1 遺伝子は、FECD 患者に多く見られる guttae の構成要素である細胞外マトリックス産生に関与することが示唆された。今後、IR を含めた多角的な病態解明の研究を進めることで、新たな治療ターゲットの発見につながることを期待される。

演題番号：43

グラフ埋め込みに基づく空間オミクス解析手法の開発

氏名：杉原礼一¹，加藤有己^{1,2}，河原行郎^{1,2}

所属：¹大阪大学大学院医学系研究科，²大阪大学先導的学際研究機構
生命医科学融合フロンティア研究部門

要旨：

空間トランスクリプトーム解析技術の発展によって、組織サンプルの空間情報を保持したまま遺伝子発現情報の解析が可能となった。それにより、遺伝子発現情報、空間情報、画像情報といった多層的なデータ解析を行うための情報解析技術の開発が求められている。特に、複数の組織切片から得られた空間オミクスデータを比較することで、組織上での微小環境や細胞のサブタイプの詳細な解析を実現できることが期待されている。

本研究では、ランダムウォークによるグラフ埋め込みと最適輸送を用いた複数の空間遺伝子発現情報の統合と特徴量抽出を行う新規アルゴリズムを開発した。現在、本手法で画像情報やプロテオミクスデータを扱えるようにアルゴリズムの拡張を行っており、ここでは本手法の性能評価および拡張に関する進捗について報告する。

演題番号：44

クローン病に特徴的な T 細胞を誘導する転写因子 RUNX2 と BHLHE40 の発見

氏名：荒瀬充, 村上真理, 竹田潔

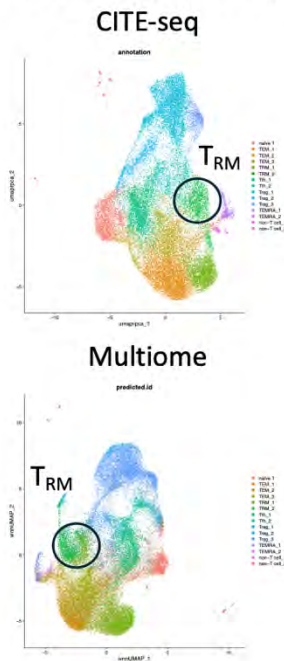
所属：大阪大学大学院 医学系研究科 感染症・免疫学講座 免疫制御学

要旨：

炎症性腸疾患 (IBD) は腸管の慢性的な炎症を呈し、寛解と増悪を繰り返す疾患である。IBD はその臨床的な症状と病理組織学的な所見からクローン病と潰瘍性大腸炎の二つの疾患に大きく分類される。

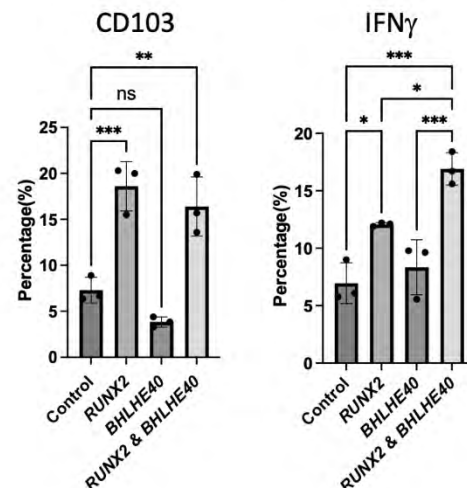
所属研究室では先行研究においてクローン病の活動性と相関を示す CD4 陽性組織常在性記憶 T 細胞 (CD4⁺ T_{RM}) を発見している。本研究ではこの細胞集団がクローン病でどのように誘導されるかを明らかにすべく、クローン病の腸管手術検体から単離した粘膜固有層の T 細胞に対して CITE-seq とシングルセル Multiome を行った。これによって、この CD4⁺ T_{RM} の誘導に RUNX2 と BHLHE40 という二つの転写因子が重要であることがわかった。さらに、にこれらの転写因子を T 細胞に過剰発現させることでこの CD4⁺ T_{RM} の表現型を誘導することに成功した

CD4 T cells from Colon



RUNX2
BHLHE40

Crohn's disease specific T_{RM} markers



Over expression

ヘビの体軸伸長を誘導する分子メカニズムの解明

氏名：佐藤 晋¹, 重信秀治², 鈴木孝幸¹

所属：大阪公立大学理学研究科生物学専攻¹, 基礎生物学研究所²

要旨：

ヘビは、他の脊椎動物と比べて胴体が伸長した特異な形態を示す。ヘビを含む脊椎動物では中軸中胚葉（PSM）組織が体の後方へ伸長して体軸を作る。研究室の先行研究により、ヘビの仲間であるシマヘビの初期胚では、PSM の後方組織がニワトリ胚と比べて細胞数が多く肥厚していた。ヘビが他脊椎動物より伸長した体を持つことは、この肥厚が原因の一つであると考えた。この肥厚の原因となる分子メカニズムはいまだに不明であるため、本研究では、マウス、ニワトリ、スッポン、シマヘビ胚の PSM 組織を用いて RNA-seq を行い 4 種の 7722 個のオルソログで PSM の遺伝子発現量を比較した。シマヘビのみ ss.(ss:体節期)19、ss.45、ss.46~80 の発生段階に分けて 4 種で発現量を比較した。また、PSM と体節の遺伝子発現量比較を 4 種で行い 7722 オルソログに含まれる PSM での高発現遺伝子を特定した。その結果、体の長さで発現量に相関のある PSM 高発現遺伝子は、シマヘビが ss.19 の発生段階で 10 個、ss.45 の時に 13 個、ss.46~80 の時に 13 個存在した。この中でシマヘビの三つの発生段階にわたって発現する遺伝子は 6 つあった。この内、正に相関する遺伝子は 4 個、負に相関する遺伝子は 2 個存在していた。特に、性に相関する遺伝子の内 2 つの遺伝子が、シマヘビの発生の進行とともに発現量が低下する傾向にあった。しかし、これら 6 つの遺伝子の PSM での機能はマウスやニワトリでも未だに報告されていない。今後はまず 6 つの遺伝子の PSM での機能と体軸伸長への関与を検証していきたい。



父親の栄養環境が継世代エピゲノムを攪乱するメカニズムの探求

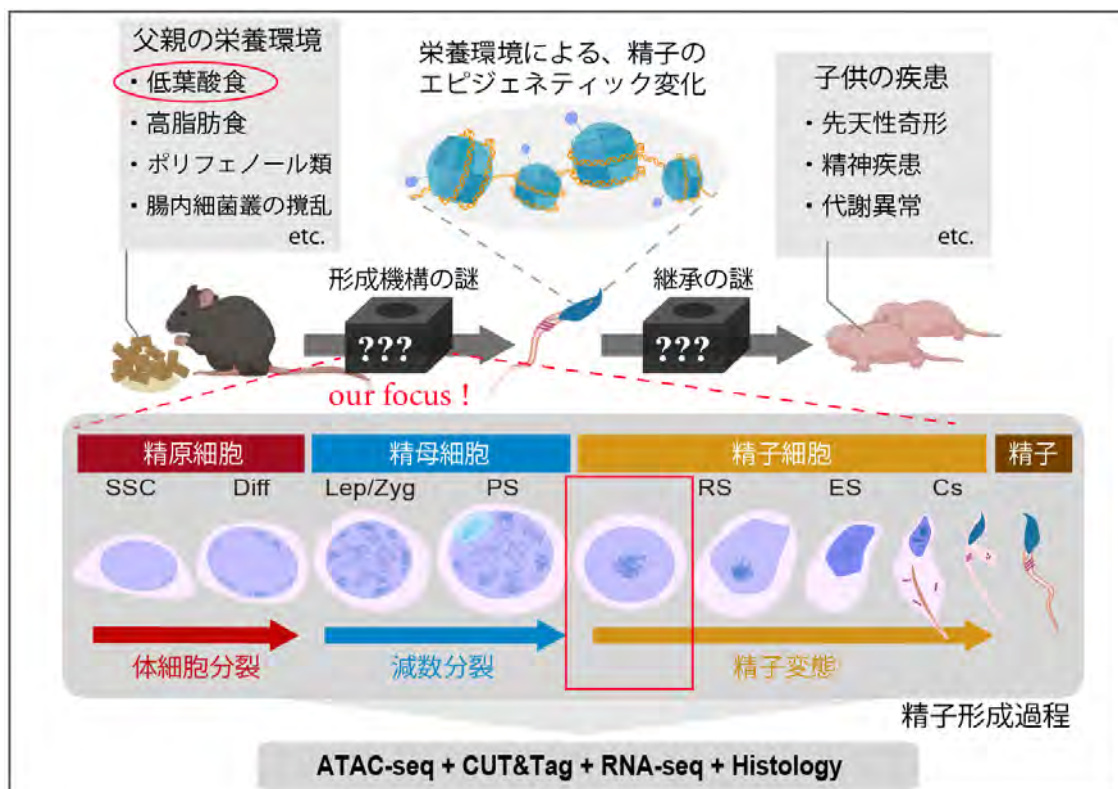
氏名：幾代 藍¹, 飯塚 瑞歩¹, 大塚 海¹, 前澤 創¹

所属：¹東京理科大学創域理工学研究科生命生物科学

要旨：

哺乳類において、父親を取り巻く外部環境は、父親自身に留まらず将来生まれる子供にも健康被害を誘引する。父親の環境曝露は、精子のエピジェネティック変化として記憶され、受精を通じて次世代へ伝承される (Epigenetic Transgenerational Inheritance)。しかし、精子の後天的エピジェネティック変化は、生じるまでのメカニズムが未解明であり、精子形成過程に注目したエピゲノム解析が必要である。

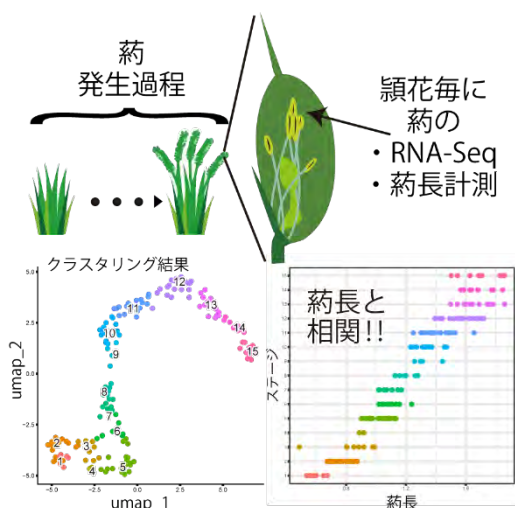
我々は、給餌により摂取栄養を改変したマウスを用い、精巣生殖細胞の分化ステージ毎に ATAC-seq とヒストン翻訳後修飾の CUT&Tag を行った。その結果、葉酸欠乏マウスの円形精子細胞 (RS) において、領域特異的なクロマチンアクセシビリティの低下が同定された。葉酸欠乏によるクロマチン凝縮は、組織学レベルでも確認され、H3K4me3・H3K27me3 の重複 (bivalent domains) と関係する可能性が示唆された。これらの結果は哺乳類において、葉酸依存的に次世代の発生を制御するゲノム領域が存在することを示唆し、精子の後天的エピジェネティック変化が減数分裂後に生じる可能性を示唆する。



個体差を利用した時系列 RNA-Seq によるイネの葯発生過程ステージング

氏名：¹蔭平陽葉, ²川岸万紀子, ¹鹿島誠

所属：¹東邦大学理学研究科生物分子科学専攻, ²農業・食品産業技術総合研究機構生物機能利用研究部門



要旨：

発生現象を研究するうえで、ステージング（発生段階の定義）は必須のステップである。従来のステージングでは主に形態的な特徴を基に発生ステージが定義される。しかし、形態的な特徴が現出する以前であっても生体内部では遺伝子発現の変化を伴う“見えない”変化が起こっている。そのため、形態的特徴に基づくステージングでは、発生ステージを見落とす可能性が存在している。我々は形態的特徴ではなく遺伝子発現的特徴を利用するステージング（transcriptome-based staging）を用いることで、より網羅的なステージングが可能ではな

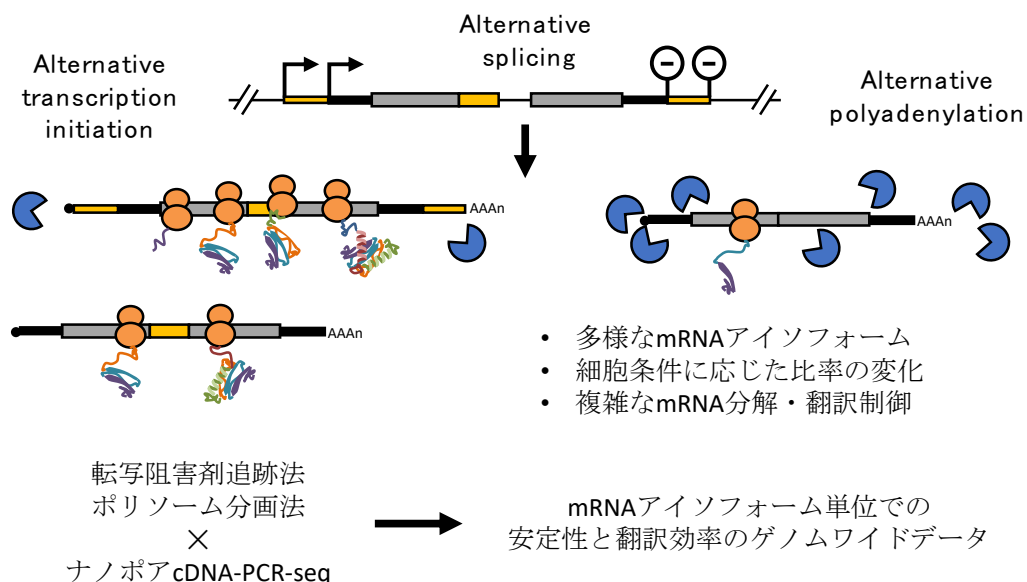
いかと考えている。本研究ではその概念実証のために、時系列 RNA-Seq によるイネの葯発生過程のステージングを行った。イネは我が国の主食であり、葯発生は収量に直結する生命現象であり、その全容解明は重要である。従来、イネの葯発生ステージングは主に、組織切片染色結果をもとに実施されているが、葯発生過程は葉鞘に包まれた幼穂の内部で起こるため外見上でのステージングは困難であり、『ステージを同定してから各ステージのサンプルを RNA-Seq で解析する一般的なアプローチ』の実施は不可能である。そこで、本研究では、独自の低コスト・ハイスループット多検体 RNA 抽出法“Direct-TRI”とライブラリー調製法“Lasy-Seq”を利用することで、花粉形成期間を通じて穎花毎に葯をランダムにサンプリングし、計 165 サンプルの RNA-Seq 及び形質値記録（穂長・葯長）を実施した。その後、次元圧縮を工夫することで、葯発生段階の指標である葯長と相関する UMAP 空間を算出し、クラスタリングにより葯発生ステージングを行った。その後、発生の個体差を利用した擬似時間解析を行うことで、葯発生過程の遺伝子発現ダイナミクスを網羅的に明らかにした。さらに、従来の形態的なステージングと比較・統合することで、標準的な栽培温度である 28℃におけるイネ葯発生の網羅的な発生ステージングと遺伝子発現アトラスを作成した。加えて、高温栽培条件である 33℃でも同様の解析を実施しており、比較解析から見てきた、地球温暖化によるイネの葯発生成過程への影響についても議論したい。

ナノポアシーケンサを用いた植物 mRNA の選択的転写と分解・翻訳の統合解析

氏名：山崎 将太郎^{1,2}, Ibnu Halim², 中前 瞳², 高澤 亮人², 古田 万紀子², 高橋 秀斗², 加藤 晃²

所属：¹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,²奈良先端科学技術大学院大学先端科学技術研究科バイオサイエンス領域

要旨： 選択的転写開始・スプライシング・ポリアダニル化および、mRNA 分解・翻訳は、重要な遺伝子発現制御過程であり、それらの過程は密接に関係している。しかし、その複雑な相互作用の解析は困難であり、未だに不明な点が多いのが現状である。そこで我々は、転写阻害剤追跡法およびポリソーム分画法にナノポア cDNA-PCR-seq を組み合わせることで、シロイヌナズナ培養細胞の通常条件と熱ストレス条件における mRNA 安定性と翻訳効率を、mRNA アイソフォーム単位で詳細に解析した。さらに、高度なデータ処理、mRNA の特徴評価、機械学習を組み合わせることで、選択的転写と mRNA 分解・翻訳の統合解析を行い、mRNA アイソフォームの存在意義や、アイソフォーム間での安定性および翻訳効率の差を生む制御因子の解明を目指した。その結果、mRNA アイソフォーム間で安定性および翻訳効率が大きく異なる遺伝子を多数発見することに成功している。さらに、その差の決定に mRNA の二次構造が関わることを示唆する新たな知見を得ている。本解析は、選択的転写と転写後調節の複雑な相互作用の解明に大いに貢献するものである。



演題番号：49

フックス角膜内皮ジストロフィのモデルマウスにおける RNA-Seq 解析

氏名：上田直侑¹，奥村直毅¹，伊東優²，稲垣蒼一郎²，湯浅太智²，泉あやか³，大山裕貴⁴，伊川正人^{4,5}，小泉範子¹

所属：¹同志社大学大学院 生命医科学部医工学科，²同志社大学大学院 生命医科学研究科，³アクチュアライズ株式会社，⁴大阪大学 微生物病研究所，⁵大阪大学大学院 薬学研究科

要旨：

フックス角膜内皮ジストロフィ（FECD）は基底膜への細胞外マトリックス（ECM）の沈着と角膜内皮障害により視力低下を生じる疾患である。FECD 患者の多くでは *TCF4* の非翻訳領域内の CTG 反復配列（triplet nucleotide repeat, TNR）の異常伸長を認めるが、どのように疾患に関与しているかについては不明点が多い。本研究では CRISPR/Cas9 システムを用いて、*Tcf4* に ctg リピートを両アレルに 100 回ノックイン（KI）した遺伝子改変マウスを作製し、RNA-Seq 解析により遺伝子発現への影響を検討した。WT マウスと KI マウスにおいて、主成分分析とヒートマップにおいて異なる遺伝子発現パターンを認めた。3,273 個の遺伝子の発現変動を認め、GO 解析や Reactome 解析などのエンリッチメント解析では FECD の臨床的な特徴である ECM に関連するシグナルの関与が示された。本研究で作製したモデルマウスは、*Tcf4* のリピート伸長が FECD を発症させる機序の解明に有用である。

演題番号：50

ヒトゲノムにおける機能的配列の網羅的な解析研究

氏名：竹内一博^{1,2}

所属：¹京都大学高等研究院 ヒト生物学高等研究拠点, ²理化学研究所 生命医科学研究センター
理研-IFOM がんゲノミクス連携研究チーム

要旨：

ヒトゲノム配列の解読から 20 年以上が経過しましたが、遺伝子やエンハンサーなどの機能的配列は、技術的要因によって未だ完全には同定されていません。本研究では、遺伝子構造全長とエンハンサー領域を正確に同定できる独自の RNA シークエンス技術を開発し、ヒト組織を幅広くカバーする約 500 の細胞・組織に適用しました。この結果、数千の遺伝子候補と数十万のエンハンサー候補を新たに同定しました。疾患に関連するゲノム変異との統合的解析により、新たに同定された機能的配列の重要性を議論します。

演題番号：51

先天性サイトメガロウイルス感染症におけるサイロメガロウイルス全ゲノム解析

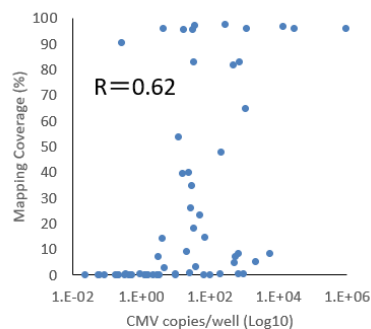
氏名：鳥居ゆか¹，堀場千尋²，鈴木高子¹，福田悠人¹，伊藤嘉規³

所属：¹名古屋大学医学部附属病院 小児科，²国立感染症研究所 病原体ゲノム解析研究センター，³愛知医科大学医学部医学科 小児科

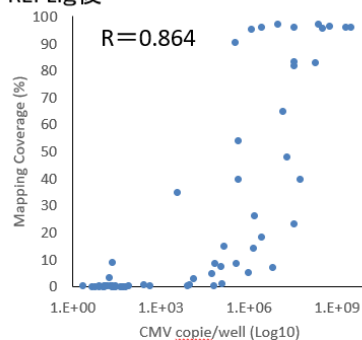
要旨：

先天性サイトメガロウイルス感染症（cCMV）は聴覚障害や中枢神経障害を引き起こす（症候性 cCMV）。症候性 cCMV に対して抗ウイルス薬バルガンシクロビルによる治療が行われるが、治療効果に影響するウイルス因子を調べる目的で、治療例における CMV の全ゲノム解析を行った。対象は治療例 24 症例で、児の尿から検出された CMV の全ゲノム解析を試みた。治療前 24 例と治療後 16 例から検出された CMVDNA を REPLI-g Cell WGA & WTA Kit を用いて全ゲノム増幅後、TruSeq DNA PCR Free Kit でライブラリ作成し NovaSeq system でペアエンド、150bp で判読した。目標リードは 4Gb/sample とした。Mapping coverage や Read Number は REPLI-g 後の CMVDNA の定量 PCR のコピー数と強い相関がみられた。Mapping coverage 95%以上を満たした 9 検体において既報の臨床検体由来 CMV ゲノム配列と系統樹解析を行った。治療前後における薬剤耐性変異は検出されなかった。

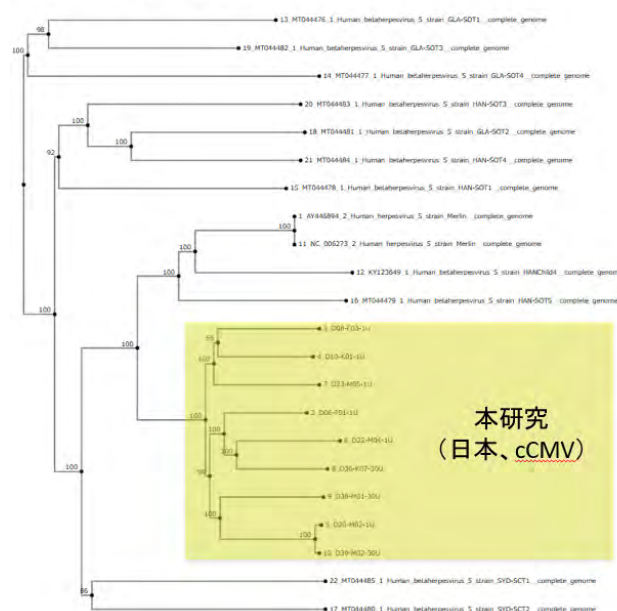
REPLI-g 前



REPLI-g 後



系統樹解析



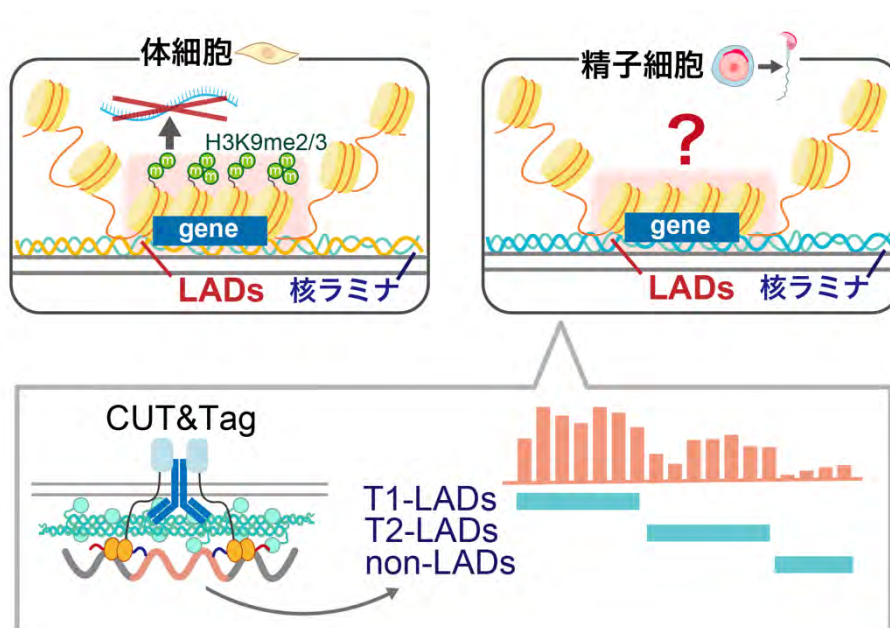
マウス精子変態期における核ラミナの機能解明

氏名：飯塚 瑞歩¹, 大塚 海¹, 大我 政敏², 若山 照彦³, 前澤 創¹

所属：¹東京理科大学, ²麻布大学, ³山梨大学

要旨：

ラミンを主要な構成要素とする核ラミナは、核と高次クロマチン構造の制御に重要である。核ラミナは LADs (Lamina associated domains) と呼ばれる核膜周辺のクロマチン領域と接触し、遺伝子の発現を主に負に制御する。LADs の多くは H3K9me2/3 修飾を受ける。一方で、精子形成の最終段階である精子変態期の核膜周辺では H3K9me2/3 が存在しない。そのため、核膜周辺部のクロマチン構造と遺伝子発現は核ラミナによる制御をより強く受けると考えられる。しかし、精子変態期における核ラミナの機能は明らかにされていない。本研究では、Lamin B1 と精子変態期特異的なラミンである Lamin B3 に対する抗体を用いた CUT&Tag により精子変態期における LADs の同定と機能の解析を行った。また、Lamin B3 を欠損させたマウスを作成し、RNA-seq と ATAC-seq を行うことで、クロマチン構造や遺伝子発現における Lamin B3 の機能を明らかにした。



演題番号：53

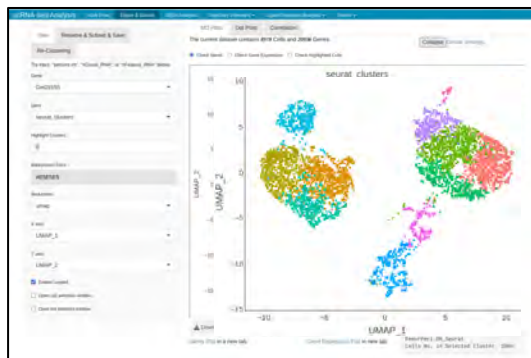
R-Shiny を用いたインタラクティブな scRNA-seq データ解析

氏名：大野充昭¹, Wang Ziyi², 米澤朋子², 大橋俊孝², 窪木拓男¹

所属：¹岡山大学学術研究院 医歯薬学域 インプラント再生補綴学分野, ²岡山大学学術研究院 医歯薬学域 分子医化学分野

要旨：

近年、細胞の性質を 1 細胞レベルで理解する「シングルセルバイオロジー」技術が発展し、分子生物学研究において必須の手法となっている。特に、single cell RNA-seq (scRNA-seq) 解析は、細胞集団の不均一性の検出や細胞分化経路の推定を可能であり、広い分野で新たな知見を提供している。しかし、世界的なバイオインフォマティクスの不足が解析のボトルネックとなっている。そこで我々は、プログラムコードを書かずにバイオインフォマティクス解析が可能なグラフィックベースの環境の構築を試みた。具体的には、R と Shiny を用いて、1) GEO データベースからのデータダウンロードと解凍を行う“Downloader”, 2) Cell Ranger を用いた 1 次解析と velocity 解析のための“Mapping”, 3) Seurat を用いた一般的な解析と分化経路推定解析、Ligand Receptor 解析を行う“Explorer”, 4) Gene set enrichment analysis や Over-representation analysis が可能な“Enrichment”の 4 つのステップをグラフィックベース化した。



演題番号：54

紫外線照射は皮膚に常在する CD81⁺活性化制御性 T 細胞を増加させる

氏名：志馬寛明¹, 小田中瑞夕¹, 今井優樹^{1,2}, 森田明理³, 山崎小百合¹

所属：¹ 名古屋市立大学医学研究科免疫学, ² 京都橘大学健康科学部健康科学科, ³ 名古屋市立大学医学研究科加齢・環境皮膚科学

要旨：

要旨：皮膚が紫外線 B 波 (ultraviolet-B, UVB) に暴露すると、活性化した制御性 T 細胞 (regulatory T cell, Treg) が選択的に増加する。UVB 照射で増加した Treg は、プロエンケファリン (proenkephalin, PENK) やアンフィレグリン (amphiregulin, AREG) の産生により創傷治癒を促進させるが、それらを発現する皮膚の Treg サブセットは不明である。本研究では、皮膚 Treg の bulk RNA-seq データ (Shime H et al. PNAS 2020) 解析の結果から、UVB 照射した皮膚の Treg は、通常型 T 細胞 (Tconv) に比べて CD81 遺伝子の発現が高いことを見出した。一方で、scRNA-seq データの解析から、正常皮膚 (UVB 未照射) にも CD81⁺Treg サブセットが常在し、それらは PENK、AREG、さらには活性化マーカーや機能分子の制御に関わる転写因子の遺伝子発現レベルが高いことがわかった。UVB 照射により増加した CD81⁺Treg は正常皮膚の CD81⁺Treg と同様の特徴を維持しつつ、免疫抑制分子である CTLA-4 を細胞表面に強く発現していた。以上のことから、CD81 は皮膚の活性化 Treg サブセットのマーカーであると考えられた。また、in vitro および in vivo での CD81 抗体を用いた解析により、CD81 は UVB 照射による皮膚の Treg 増加に関与することが示唆された。

FoundationOne® Liquid CDx 診断に基づき分子標的薬治療が奏功した世界初 EGFR L858R 変異陽性転移性右腎盂癌の多部位シーケンスによるプロファイル解明

氏名：河嶋厚成¹，元岡大祐²，堀部祐輝¹，石津谷祐¹，山本致之¹，林 拓自¹，加藤大悟¹，波多野浩士¹，坂井大介³，野々村祝夫¹

所属：¹大阪大学大学院医学系研究科器官制御外科学講座（泌尿器科学）

²大阪大学微生物研究所 感染症メタゲノム研究分野

³大阪大学大学院医学系研究科外科系臨床医学専攻外科学講座消化器外科学

要旨：【背景と目的】がんゲノムプロファイル検査による治療薬到達頻度は 20%弱と低い一方、治療標の変異が検出された際には予後延長が期待できる。我々は、転移性右腎盂癌に対する標準治療終了後に施行した FoundationOne® Liquid CDx において、非小細胞肺癌で多く報告される EGFR L858R 変異を世界で初めて同定し、分子標的治療を施行した。当研究では、時間的・空間的変異解析によるゲノムプロファイルの解明を行うことを目的とした。

【対象と方法】症例は 70 歳、男性、右腎盂癌 cT3N0M1。白金製剤を含む化学療法、免疫療法、抗体薬物複合療法施行後がんゲノムプロファイル検査を施行。死亡後に病理解剖を行った。変異解析として、原発巣生検組織ならびに病理解剖時に採取した原発巣、肝・肺・リンパ節転移巣、癌側正常尿路から DNA を抽出、血液ゲノム DNA と共に全エクソンシーケンスを NovaSeq X Plus を用いて実施した。

【結果】集学的治療を開始するも最大効果 SD までで標準治療終了。FoundationOne® Liquid CDx を実施し、膀胱癌の driver 変異である EP300 (E1207*) (変異アレル頻度 (VAF) 6.3%) を含む計 9 個の変異と共に、EGFR (L858R) 変異 (VAF 7.9%) を同定した。腎盂癌では同変異はこれまで検出例がなく、原発性肺癌も否定できないため、オシメルチニブ開始。開始後 2 カ月で PR 判定、ADL も改善し計 15 カ月投与しえた。病理解剖組織 5 臓器 16 か所の病理所見はいずれも尿路上皮癌で肺癌の所見は認めず、同部位より施行した変異解析では中央値 1534 個 (IQR 1441-2233 個) の変異を検出し、放射線照射後のリンパ節 1 カ所を除いた原発巣・転移巣全てから EGFR (L858R) ならびに EP300 (E1207*) 変異を検出し、同変異が当症例のドライバー遺伝子であることを確認した。またゲノム DNA・癌側正常尿路から同変異は検出されなかった。一方、オシメルチニブ治療後の組織では耐性 EGFR 変異を検出しなかった。FoundationOne® Liquid CDx で検出された VAF>1.0% の 6 変異は 75% 以上の癌組織で検出した一方、VAF≤1.0% の 4 変異は癌組織で検出しなかった。

【結論】EGFR L858R 変異を有する右腎盂癌を世界で初めて同定し、尿路上皮癌でも同分子標的薬が有効であることを確認した。

DNA メチル化に基づく細胞分画推定により明らかになった、がん予後に関連する腫瘍微小環境

氏名：萩原 征^{1,2,3}，安水 良明³，祝迫 恵子⁴，中村 やまみ³，柳楽 庸史¹，和田 尚⁵，坂口 志文³，大倉 永也²

所属：¹塩野義製薬株式会社

²大阪大学大学院医学系研究科 基礎腫瘍免疫学

³大阪大学大学院医学系研究科 実験免疫学

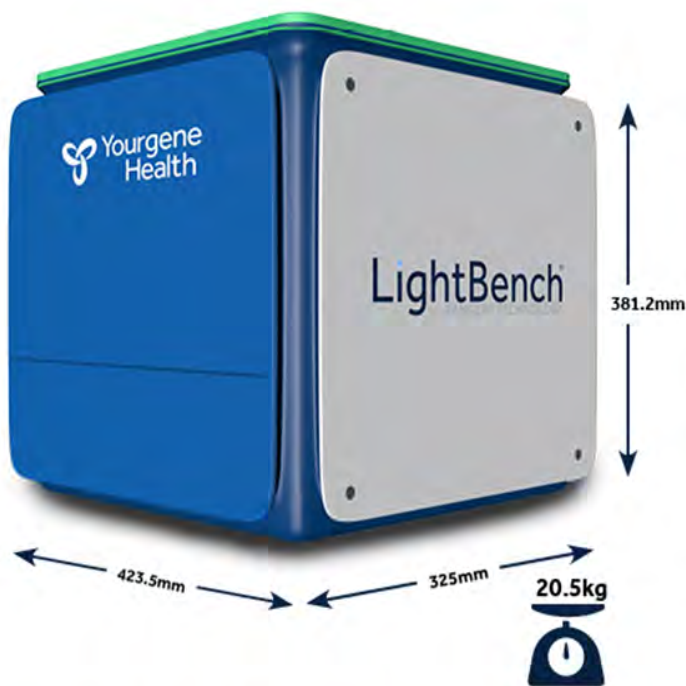
⁴同志社大学生命医科学部

⁵大阪大学大学院医学系研究科 臨床腫瘍免疫学

要旨：

DNA メチル化は、細胞のアイデンティティを定義する重要なエピジェネティック修飾である。この情報を利用した細胞のデコンボリューションは臨床において有用と考えられているが、現行のデコンボリューション手法は精度と解像度に限界がある。本研究では、様々な組織および腫瘍浸潤免疫細胞から得られた 945 個のヒト由来 DNA メチル化データを収集し、これを用いてニューラルネットワークモデルを訓練した。このモデル、MEnet は、バルク DNA メチル化データから細胞集団の構成比と詳細な免疫細胞の状態を予測し、フローサイトメトリーおよび組織化学の結果と一致した。MEnet は、精度、計算速度、および検出可能な細胞の多様性において既存の手法を凌駕し、末梢血、腫瘍、cell-free DNA にも適用可能である。さらに、MEnet を 72 例の肝内胆管癌サンプルに適用することにより、患者の予後と関連する免疫細胞プロファイルを特定した。MEnet による細胞デコンボリューションは、臨床現場での利用可能性があると考えている。

DNAサイズセクション・ フラグメント長解析・定量装置



LightBench®
with RANGER® TECHNOLOGY

- NGSサンプル調製を強力にサポートする 3 in 1 システム (サイズセクション、DNAフラグメント長解析、蛍光定量アッセイ)
- 平均回収率 >70%
- 再現性 >97%
- 研究および体外診断アッセイで実証済みの性能
- PacBio社の認定パートナー

輸入販売元



本社 大阪府箕面市船場西三丁目10番3号
〒562-0036 TEL 072(730)6790 FAX 072(730)6795

東京支社 神奈川県川崎市中原区新丸子東三丁目1200番地 KDX武蔵小杉ビル
〒211-0004 TEL 044(430)3245 FAX 044(433)4390

つくば営業所 茨城県つくば市竹園二丁目3番17号第一・ISSEIビル
〒305-0032 TEL 029(850)3771 FAX 029(856)3881

神奈川営業所 神奈川県藤沢市藤が岡一丁目8番14号 田中ビル
〒251-0004 TEL 0466(55)4110 FAX 0466(55)4120

デモや価格・製品に関する
お問い合わせはこちらまで▶▶▶

<https://www.kiko-tech.co.jp/>





Agilent Avida

ターゲットエンリッチメント

「3D アンブレラ」デュアルプローブシステムと 「ソフト」なバイサルファイト変換による革新的なテクノロジー

- 一つの微量サンプル（数 ng の cfDNA やゲノム DNA）をインプットとしてマルチオミクス解析（DNA の変異解析とメチル化プロファイリング）を並行して行うことが可能
- DNA 変異解析単独なら 5 時間、DNA / メチル化プロファイリング同時でも 8 時間でライブラリ調製が完了する画期的なテクノロジー
- 微量サンプルからのライブラリ調製効率が格段に向上し、高精度な DNA / メチレーションのターゲットシーケンス解析を実現

Agilent Avida
ターゲットエンリッチメントの
詳細はこちら



aglt.co/avidanpi-lp-jpa

掲載の製品は全て研究用です。診断目的にご利用いただくことはできません。

アジレント・テクノロジー株式会社

〒192-8510 東京都八王子市高倉町 9-1
TEL.0120-477-111 / FAX.0120-565-154
©Agilent Technologies, Inc. 2024

G240656

Revio システム

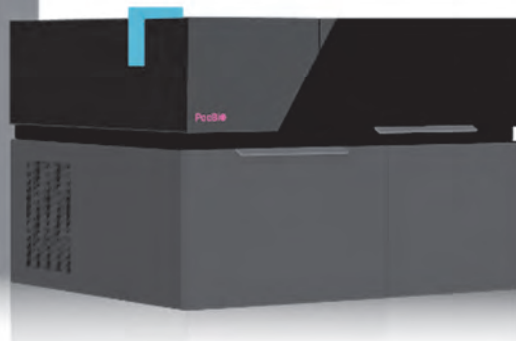
ロングリードシーケンシング

Q30+ 高精度ロングリードをハイスループットかつ安価に

Onso システム

ショートリードシーケンシング

Q40+ >90% リードでレアバリエントを検出



フェージングおよび5mを用いた
包括的なバリエントコール



複雑なゲノムの真に完全なアセンブリ



ターゲットシーケンシングで
大規模な遺伝子研究



シングルセル
トランスクリプトーム解析



他の卓上型シーケンサーよりも
15倍高い精度



かつてない高感度



必要デプスの減少、もしくは
マルチプレックス化で低コスト化



ワークフローをシームレスに統合

【製造/開発元】

日本支社 **パックバイオジャパン合同会社**

〒220-0012 神奈川県横浜市西区みなとみらい3-7-1

Email : Info_JP@pacb.com

【輸入販売元】

トミーデジタルバイオロジー株式会社

〒112-0002 東京都文京区小石川1-1-17 日本生命春日駅前ビル 3階

TEL : 03-6240-0843 Email : info_ap@digital-biology.co.jp

BD Rhapsody™ HT シングルセル解析システム

品質はそのまま、よりハイスループットなシステムが新登場！

スループットの拡大により 妥協のないシングルセル研究へ！

特 徴

- ・ 従来のつまりにくく、細胞にやさしい構造はそのまま
- ・ 100 ～ 32 万細胞以上のシングルセルを単離
- ・ レーンごとに使用可能な、8 レーンカートリッジ
- ・ 全ての実験系でマルチプレックス可能



柔軟な
シングルセル解析により
従来品よりも
更なる実験コストの
削減へ！

製品詳細はこちらから



BD Rhapsody™ HT Xpress システム (左)
8 レーンカートリッジ (右)

BD® OMICS-Guard Sample Preservation Buffer

～大切な実験に更なるフレキシビリティを～

BD® OMICS-Guard Sample Preservation Buffer は、
サンプルを同時にまたは同じ場所で処理できない場合に、
より長期間にわたる高品質の生体サンプル保存の
ニーズに応えるために開発されました。

特 徴

- ・ 最小限のハンズオンタイムで、ストレスのないワンステップの保存プロトコル
- ・ RNA-seq、CITE-seq、フローサイトメトリー、qPCR など、
さまざまなアプリケーションのための細胞保存に最適化されたバッファー
- ・ 細胞の生存率を維持し、サンプル中のさまざまな細胞集団を 4°C で最大 72 時間保存
- ・ 複数の種類のサンプル (PBMC および組織サンプル) にわたり検証済み
- ・ 2 つの使いやすいフォーマットで利用可能：
50 mL ボトルまたは単離細胞に適した 12 × 1 mL バイアル



製品詳細はこちらから



データシートやプロトコルを
ご確認ください

*研究用です。治療・診断には利用できません。

日本ベクトン・ディッキンソン株式会社
カスタマーサービス www.bdj.co.jp/s/cs/

bdbiosciences.com/ja-jp/

機器・試薬の使用法および学術に関するサポート

☎ 0120-4890-77 Email: tech.cell@bd.com

機器のトラブルに関するサポート

☎ 0120-7099-12

BD, the BD Logo and all other trademarks are trademarks of Becton, Dickinson and Company or its affiliates.
© 2024 BD. All rights reserved.



超高解像度 空間発現解析 Stereo-seq 受託サービス

1細胞以下の解像度での空間遺伝子発現解析
国内ラボ初の受託開始！

- STOmics技術を応用した空間的遺伝子発現解析手法
- 現行で最も解像度の高い手法の一つ
- 個体発生から疾患研究まで幅広く利用可能

近日リリース予定：Stereo-seq FFPE版

現行の超高解像度の特長はそのまま、ヒト・マウス以外のFFPE検体にも対応。
研究の可能性を広げることが期待されます。

シングルセル受託解析 10x Genomics 遺伝子発現

固定処理により細胞を安定化
従来法では観察の難しい集団も好感度に検出

大好評！キャンペーン開催中（9月末まで）

シングルセルRNA-Seq (3' v3.1 ケミストリ)
¥789,000/検体～

シングルセルV(D)J (5' v2 ケミストリ)
¥795,000/検体～

シングルセル遺伝子発現Flex (4 バーコード)
¥1,676,200/反応～

※ 細胞数、データ量当の使用により変動します。



マルチオミクスなシングルセル

空間解析ソリューション



ハイスループット、マルチオミクスな
シングルセル解析プラットフォーム

Chromium X/iX

- ホルマリン固定サンプルにも対応（遺伝子発現解析のみ）
- 3' / 5' 遺伝子発現解析
- TCR / BCR レパトア解析
- クロマチンアクセシビリティ (ATAC) 解析
- 細胞表面タンパク質の検出
- CRISPR スクリーニング
- 抗原特異性

空間オミクス プラットフォーム

Visium with Visium CytAssist

Visium は全 mRNA に基づいて組織を分類できる次世代の分子技術です。FFPE または新鮮凍結組織における形態学的な情報とトランスクリプトーム全体をマッピングすることにより、正常な発生学、疾患病理学、および臨床トランスレーショナルリサーチへの新たな知見を見出すことができます。

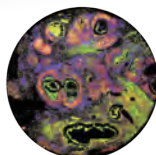
Visium CytAssist は、標準的な顕微鏡スライドから Visium スライドへの遺伝子プローブの移動を簡略化する小型のベンチトップ型装置です。



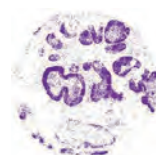
ハイスループット in situ プラットフォーム

Xenium Analyzer

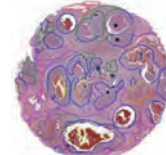
Xenium は *In Situ* による空間トランスクリプトームマップを構築するプラットフォームです。組織調製からデータ分析に至るまで、完全なサポートを提供します。サブセラーレベルの解像度で遺伝子発現マップを作成し、組織における遺伝子発現パターンを同定、シングルセルでのクラスタリングをすることができます。



数百～数千種の RNA と
複数のタンパク質



ERBB2 発現



病理的解析

輸入元



株式会社 スクラム

本社

〒135-0014 東京都江東区石島2-14 Imas Riverside 4F

Tel. (03)6458-6696 Fax. (03)6458-6697

西日本営業所

〒532-0003 大阪市淀川区宮原5-1-3 NLC新大阪アースビル403

Tel. (06)6394-1300 Fax. (06)6394-8851

次世代高解像度空間バイオロジー " Curio Seeker " & " Curio Trekker "

Curio 基本テクノロジー



専用装置は不用



組織切片をタイル上に癒着



多種多様な生物種
組織タイプに対応



短時間で簡便な
プロトコール



シングルセル解像度
での高精密な結果



既存のNGSワーク
フローに対応

Curio スライド



10µm の約80,000~800,000*個のビーズが隙間なく密集した単層構造で、各ビーズには固有の空間バーコードが付加

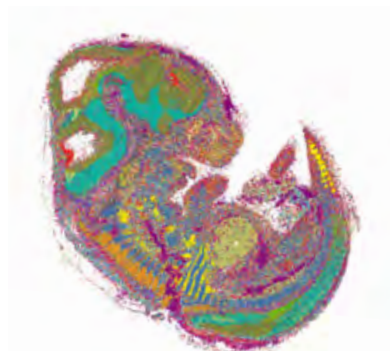
* 個数はタイルサイズに依存

目的に応じたタイルサイズから選択
(Curio Seeker) (Curio Trekker)
3 x 3 mm 6 x 6 mm
10 x 10mm 10 x 10mm

2種類の高解像度空間マッピング キット

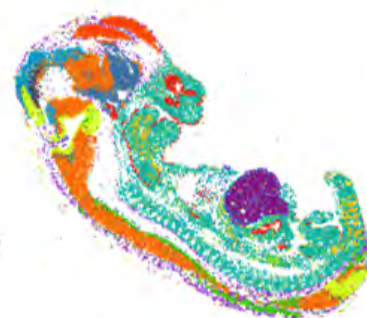
Curio Seeker

(Slide-seqの応用)



Curio Trekker

(Slide-tagの応用)



光切断リンカー



10µm ビーズに数百万の上図バーコード含むオリゴ配列が結合。タイルには約 80,000~800,000 の
全て異なるバーコードを持つビーズが隙間なく密集

- ・ 新鮮凍結切片からの
高解像度空間トランスクリプトーム解析キット
- ・ 全トランスクリプトームをカバー
- ・ 生物種/組織に依存無し
- ・ 約8時間でNGS用ライブラリ調整終了

- ・ 新鮮凍結切片からの
真のシングルセル空間マルチオミクス解析キット
- ・ 核内にバーコードオリゴが浸透
- ・ 空間snRNA-seq/snATAC-seq
- ・ 高い遺伝子検出と細胞セグメント化が不要



BioStream

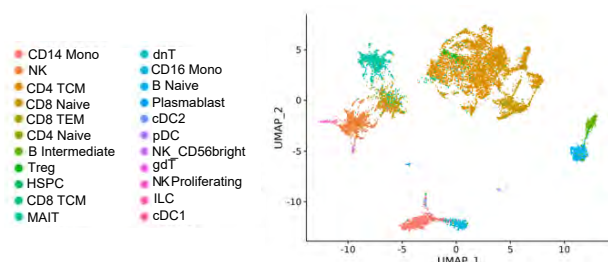
バイオストリーム株式会社

シングルセル大規模解析

Split-Pool コンビナトリアルインデックス

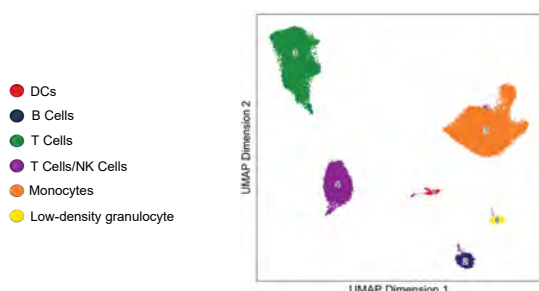
数百万細胞 / 数百サンプルのシングルセルオミックス

Single Cell RNAseq



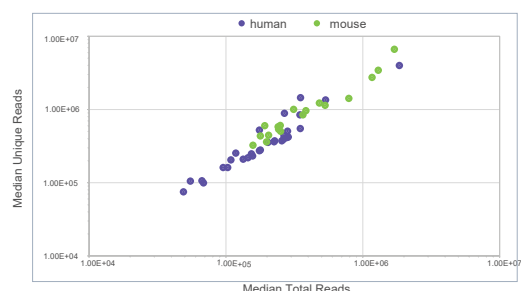
高品質シングルセル トランスクリプトーム ライブラリーを構築。
1 回の実験で最大 **96** 個のサンプルをマルチプレックス処理し、最大 **125,000** 個の細胞または核をプロファイリング。

Single Cell ATACseq



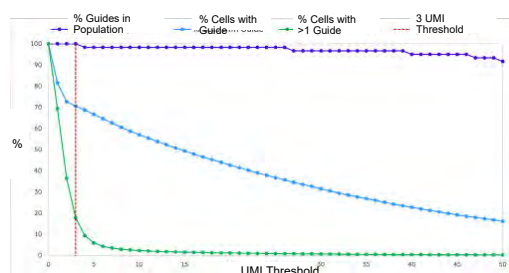
コンビナトリアルインデックス技術で、1 回の実行で最大 **300,000** 個の核を処理。
単離核の事前バーコーディングで、コストを大幅に削減しスループットを **10倍** 向上

Single Cell Methylation



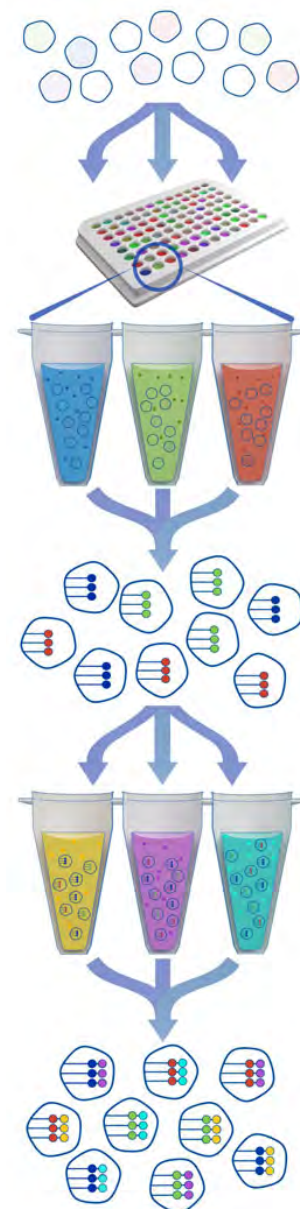
シングルセルのメチル化状態をプロファイリング。
独自のワークフローとケミストリで1回の実行で**数万個**のシングルセル分析が可能。
専用データ分析パイプラインにより迅速かつ効率的に結果を獲得

CRISPR Guide Enrichment



Single Cell RNA Sequencing Kit に CRISPR Guide 配列をキャプチャできる利点を追加。
1 回の実行あたり最大 **500,000** 個の細胞または核の処理し、**96** 個のサンプルをマルチプレックス処理

専用装置不要



拡張可能な
インデックス /
スループット

卓越した分解能で空間ゲノミクス分野の 新たな次元を開拓する



ハイマルチプレックス・ マルチオミクス解析

1サンプルにつき960遺伝子、
最大6種類*のタンパク質を同時検出。
※細胞境界染色を行う場合は最大5種類

ハイスループット

1サンプルにつき 10^5 個を超える
細胞をプロファイリング

100nmの分解能

全組織切片からシングルセル・
細胞内イメージングまで

様々なサンプルに対応

マウス・ヒトの新鮮／固定凍結組織、
FFPE 組織、接着細胞、浮遊細胞に対応

高感度

低発現遺伝子でもRNAを特定できる高い検出効率

vizgen

MERSCOPE® Ultra モデル

新登場

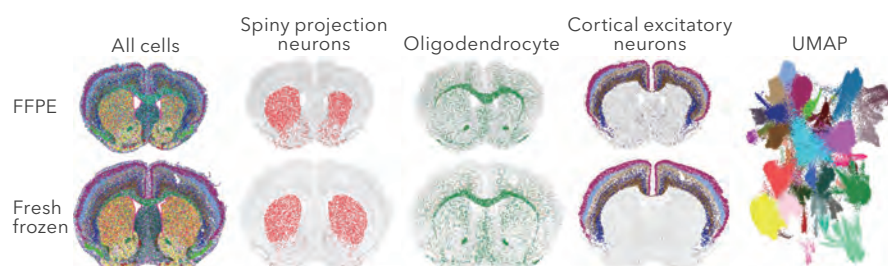
- ▶ 最大 3.0cm²の撮像
- ▶ 最大 9.0cm²/週の解析が可能

Vizgen社
LINE登録は
こちらから▶



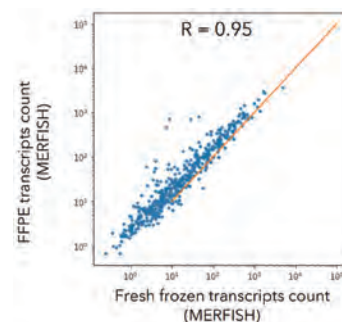
高解像度 in situ 空間ゲノミクス解析システム

MERSCOPE®

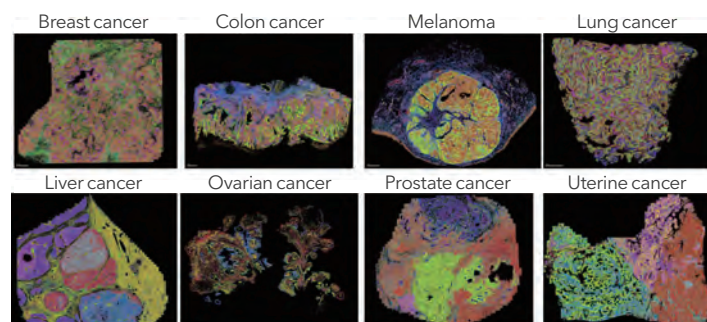


FFPEマウス脳切片と新鮮凍結マウス脳切片の細胞クラスターの空間分布

483種類の遺伝子をMERSCOPEで測定した。両者の各細胞クラスターは同様の空間分布を示し、作製方法の異なるサンプルでも正確に転写産物の測定が可能であることが分かった。



マウス脳のFFPEと新鮮凍結切片の転写産物量の相関性評価。非常に高い相関性を示す。



FFPEヒトがんサンプルにおいて識別された 細胞タイプの空間分布

乳がん、大腸がん、メラノーマ、肺がん、肝臓がん、卵巣がん、前立腺がん、子宮がんのサンプルにおいて、500種類の遺伝子パネルを用いてMERSCOPEで解析したもの。それぞれ合計40億以上の転写産物、900万個の細胞を検出。細胞のセグメンテーションにより、シングルセル解析も可能。スケールバー：1mm

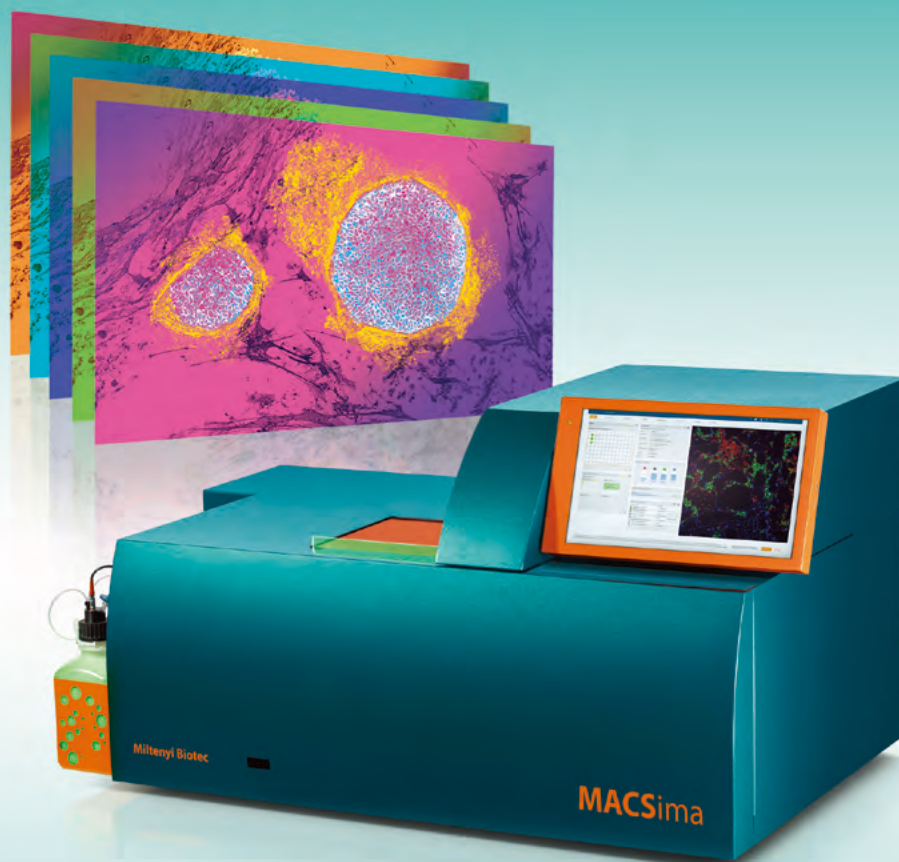
※データはFFPE Human Immuno-Oncology Data Releaseとしてダウンロード可能

プライムテック株式会社

東京都文京区小石川1-3-25 小石川大国ビル2F

TEL: 03-3816-0851

Mail: inst-sales@primetech.co.jp



MACSima™ Platform

1つの切片、100+マーカーの検出、限らない解析オプション

- 免疫蛍光染色・撮影・シグナル消去サイクルの繰り返しの完全自動化および100種類以上のマーカーの検出
- 組織片、接着細胞、浮遊細胞など、どのような種類の固定サンプルでも解析対象
- サンプルサイズによってフレキシブルに選択できるイメージングフレーム
- ミルテニーバイオテックのすぐに使用できる幅広い抗体ポートフォリオ
- RNA (~20種類) とタンパク質 (100+種類) の発現を同一サンプルで検出
- フローサイトメトリー感覚で運用できる優れたユーザビリティの解析ソフトウェア

特に記載がない限り、Miltenyi Biotec の製品およびサービスは試験研究用です。治療・診断目的で使用することはできません。
MACSima、Miltenyi Biotec ロゴは、Miltenyi Biotec およびその関連会社の登録商標または商標です。
商品のデザイン、仕様、価格等は予告なく変更する場合がありますのでご了承ください。
Copyright © 2024 Miltenyi Biotec and/or its affiliates. All rights reserved.



ミルテニー バイオテック株式会社

〒135-0041 東京都江東区冬木16-10 NEX永代ビル5F
TEL: 03-5646-8910 (代) FAX: 03-5646-8911

学術的お問い合わせ | 機器修理のご相談 | 代理店様専用番号
03-5646-9606 | 0120-03-5645 | 03-5646-8566

www.miltenyibiotec.com
macsjp@miltenyi.com

PacBio Revio™サービス開始キャンペーン

キャンペーン適用期間：2024年9月末まで

期間中のご発注分は8月末～10月末までに順次納品、早期納品もご相談可能！

PacBio HiFi-readの特徴

- レファレンス品質の完全長ゲノムの構築やメタゲノムサンプルからの高品質ゲノムの獲得
- 99.9%以上の読み取り精度でのシーケンシング
- GC含量に左右されない、均一なデータカバレッジ

サービス概要：国内のラボで実施、「DNA抽出、データ解析」もついています

▶取得データ量の目安は推定ゲノムサイズの約30倍程度を推奨します

ゲノムシーケンス解析／ロングリード・メタゲノム解析			
解析メニュー※1	作業内容	単価/検体(税別)	キャンペーン単価(税別)
300Mb(原核生物向け)	1. DNA抽出※2 2. ライブラリ調製 3. シーケンシング 4. 基本データ解析(下記参照)	¥150,000	¥ 130,000
1Gb		¥210,000	¥ 180,000
5Gb		¥505,000	¥ 420,000
10Gb		¥570,000	¥ 480,000
20Gb		¥655,000	¥ 550,000
30Gb		¥700,000	¥ 590,000
データ解析(原核生物)	アセンブリ、生物系統・遺伝子推定、アノテーション		
データ解析(メタゲノム)	アセンブリ、菌叢プロファイリング、遺伝子推定、MAG解析(ビニング、生物系統推定)		

※1 シーケンスデータ量はDNA品質・サンプルにより変わるため、データ量の保証は行っておりません

※2 サンプル種によっては応相談になります。

菌叢解析（全長16S rRNA遺伝子アンプリコンシーケンス）			
解析メニュー	作業内容	単価/検体(税別)	キャンペーン単価(税別)
全長16S rRNA遺伝子アンプリコンシーケンス	DNA抽出、ライブラリ調製 シーケンシング、菌叢プロファイリング	¥50,000	¥ 40,000

24検体以上でVolume discountも適用可能です！

1セル買い切りシーケンスプラン			
解析メニュー	作業内容	単価/ラン(税別)	キャンペーン単価(税別)
ライブラリシーケンス (1セルあたり：50～90Gb)	ライブラリ調製(1検体分※3)、シーケンシング	¥700,000	応相談
追加データ解析	アセンブル・生物系統推定・変異解析など	お問い合わせください	

※3 複数サンプルを1セルにシーケンスする場合は、追加検体ごとのライブラリ調製費用をいただきます



firefly® は、NGSライブラリー調製、PCR/qPCR及び一般的なDrug Screeningに最適化されたコンパクトかつハイスループットな自動分注システムです。

■ オールインワン

分注ユニット、プレート・チップラック用デッキ、プレート温調ユニット、プレートシェーカー、プレートハンドラー、制御PC&タッチパネルモニターを内蔵

■ 異なる2種の分注ヘッド

- ・ 384ch チップ式分注ヘッド（8連 / 16連 / 96ch / 384chチップに対応）
 - ・ 非接触型ディスペンスヘッド（独立 3ヘッド or 6ヘッド）
- 2つの分注ユニットを使い分け、高速分注かつ試薬のデッドボリューム、消耗品の大幅な削減が可能

■ 洗練されたクラウドベースのソフトウェア

直感的にクリック、ドラッグ&ドロップベースで組み立て可能なユーザーインターフェース
クラウドベースで、ラボウェアやプロトコルをサーバーからダウンロードでき、共同研究先とのシェアも可能



■ コンパクト

装置内部を3層にレイアウトすることにより、
省スペース化を実現
W 660 x D 560 x H 800 mm



◀ 動画、利用できるプロトコルなど
弊社公式ウェブサイトから閲覧できます

SPT Labtech Japan 株式会社

☎ 03-6423-1644

✉ japan@sptlabtech.com

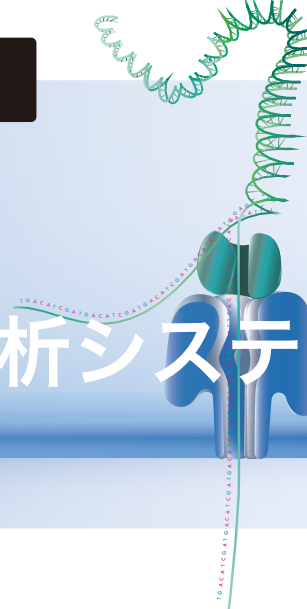
🌐 www.sptlabtech.com/japan



find us on   



GPU 搭載 ナノポアデータ解析システム



ベースコールやメチル化解析など、ナノポアのシグナルデータ（FAST5）を用いた解析には、GPU を搭載したコンピュータシステムが必要不可欠です。しかし、使用するGPUのモデルやデバイスドライバ、サーバOS、各種ライブラリーモジュールなどで、バージョン間での互換性や相性の問題などが生じる場合があるため GPU を使用した解析ソフトウェアのセットアップは、困難な場合が少なくありません。

また、目的の解析を行うために、どの程度のスペックのマシンが必要かが分からず、自前でサーバーを購入するにも、なかなか手がかりが掴めないというのが現状です。

株式会社ジーンベイは、これまでにナノポアシーケンス解析およびそのデータ解析を受託サービスとして提供してきた経験があり、お客様のさまざまな目的の解析に適したハードウェアとソフトウェアの組み合わせを提案することができます。



特長

- お客様の解析用途に適したスペックのシステムを提供
- 面倒なデバイスドライバやソフトウェアの設定はおまかせ
- さまざまなオプションが選択でき、必要最小限の構成が選択可
- 解析手順書が付属しているため、直ちに解析の実行が可能
- インターネットに接続せずにローカル環境での解析の実行が可能
- 頻繁なソフトウェアのバージョンアップをサポート（オプション）

注意点

OS は Linux（Ubuntu）であり、コマンドラインでの実行が中心です。
解析の手順書は付属しておりますが、Linux やコマンドラインに不慣れなユーザーはご注意ください。

基本構成

- GPU 搭載ハードウェア（ワークステーション／サーバ）
- OS セットアップ（Ubuntu）
- 解析ソフトウェアのセットアップ
 - ベースコール、バーコード demultiplex
 - シーケンズデータ QC
 - リードトリミング・フィルタリング
- 解析実行手順書
- ハードウェア保証
- ソフトウェアバージョンアップサポート（オプション）

Element Biosciences 社 ベンチトップ次世代シーケンサー

AVITI

ハイクオリティなデータ / Q40 相当

フレキシブルな操作性 / Dual フローセルシステム

従来通りのライブラリ調製 / Cloudbreak Freestyle





Cell Signaling
TECHNOLOGY®

CUT&Tagで クロマチンプロファイリングを迅速に！

タンパク質-DNA相互作用を少ないサンプル量で
より迅速にマッピング

cst-science.com/ct-ngs24

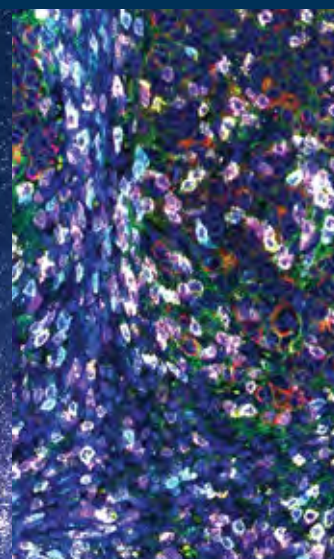


協賛企業セミナー
2024年9月4日 17:10 - 17:20

SignalStar™ Multiplex IHC for Spatial Biology

- ・柔軟なパネルデザイン
- ・わずか2日間で最大8種類の標的を増幅
- ・お手持ちの蛍光イメージング装置が活用可能
- ・すぐに使用可能

cst-science.com/mihc-ngs24



© 2024 Cell Signaling Technology, Inc. All rights reserved. Cell Signaling Technology, CST, SignalStar, and XP are registered trademarks of Cell Signaling Technology, Inc. All other trademarks are the property of their respective owners. Visit cellsignal.com/trademarks for more information.

CUT&Tag provided under a license from Active Motif, Inc. under U.S. Patent No. 10,689,643 and 9,938,524, foreign equivalents, and child patents deriving therefrom. For purchaser's internal research use only. May not be used for resale, services, or other commercial use.

U.S. Patent No. 11,733,248, foreign equivalents, and child patents deriving therefrom.

U.S. Patent No. 10,781,477, foreign equivalents, and child patents deriving therefrom.

Research Use Only. Not for Use in Diagnostic Procedures. 24-CTG-89014

CosMx™

空間モレキュラーイメージャー

シングルセルからサブセラーレベルの解像度で、
RNAとタンパク質の3次元空間マルチオミクス解析を。

- **最高のPLEX数**

6000遺伝子以上、64タンパク以上

- **解析困難なFFPE検体にも対応**

FFPE、凍結切片、TMA、オルガノイドなど

- **最も正確なセルセグメンテーション**

核染色+膜タンパク+組織特異的なマーカー+AtoMx再解析



Human / Mouse 1000



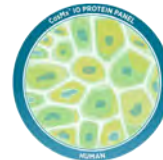
Human 6000



Whole Transcriptome
(2025年)



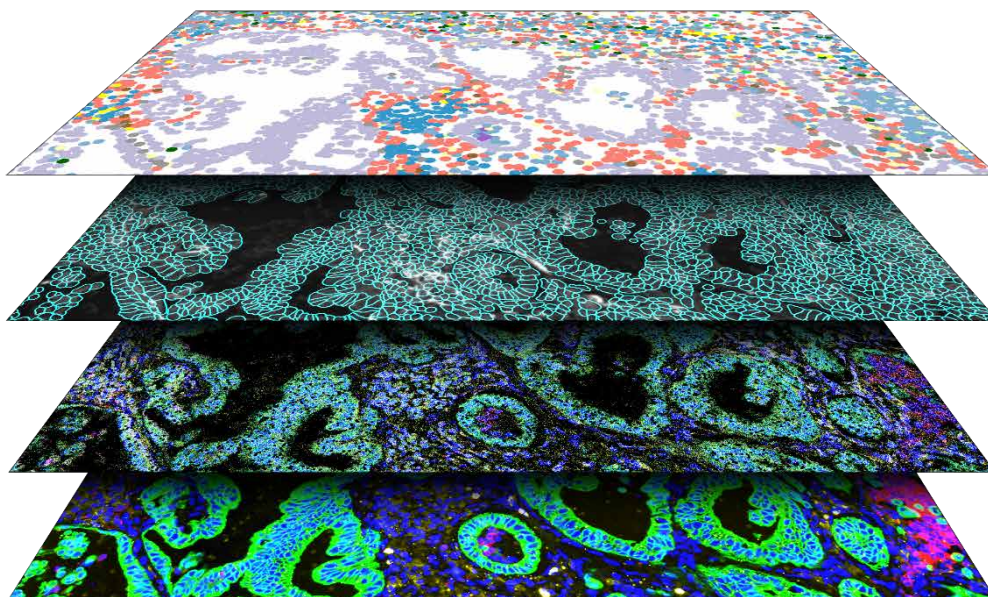
Mouse Neuro 1000



Human IO Protein



Mouse Neuro Protein



細胞タイピング

細胞セグメンテーション

転写産物の局在

組織染色



Takeru Core DC

ゲノムを筆頭としたライフサイエンス・バイオメディカル分野において、予算や計算リソース、サーバ管理者やデータサイエンティスト等の人的リソースの不足が叫ばれています。さらに、個々の研究者や研究機関がそれぞれ計算機システムを維持管理していくのは手間がかかり、研究者が研究に専念できない要因の一つになっています。そこで、複数の研究機関が予算や機器、管理者等を集約した研究コア組織（コアファシリティ）を協同運営し、効率化をはかりつつ最新の計算技術を提供するという流れが国内外で生じています。

Takeru Core DCは、コアラボに計算資源や人的リソースを集約するにあたって起こり得るITシステム面の問題を解決するための、柔軟性に富んだ共用プラットフォームです。ニーズや環境の変化が激しいデータ解析周りのITシステム面、また、異なる所属や異なるユースケースのユーザーに対する管理面の課題に対応し、よりセキュアな環境における解析を可能とします。



対外的・内部的
セキュリティ

ネットワークの仮想的分離により
ユーザーのアクセス範囲を厳密に
限定可能

初期設定や仮想クラスタ、
解析ツールが構築済み

"Batteries
included"

構築・運用

Software-definedのため
機器拡張が用意

定期的にOSや
アプリケーションが
アップデートされる

Continuous

多様なニーズへの
対応

OSの種類やバージョンを自由に
選択したサーバシステムを必要な
ときに立ち上げ

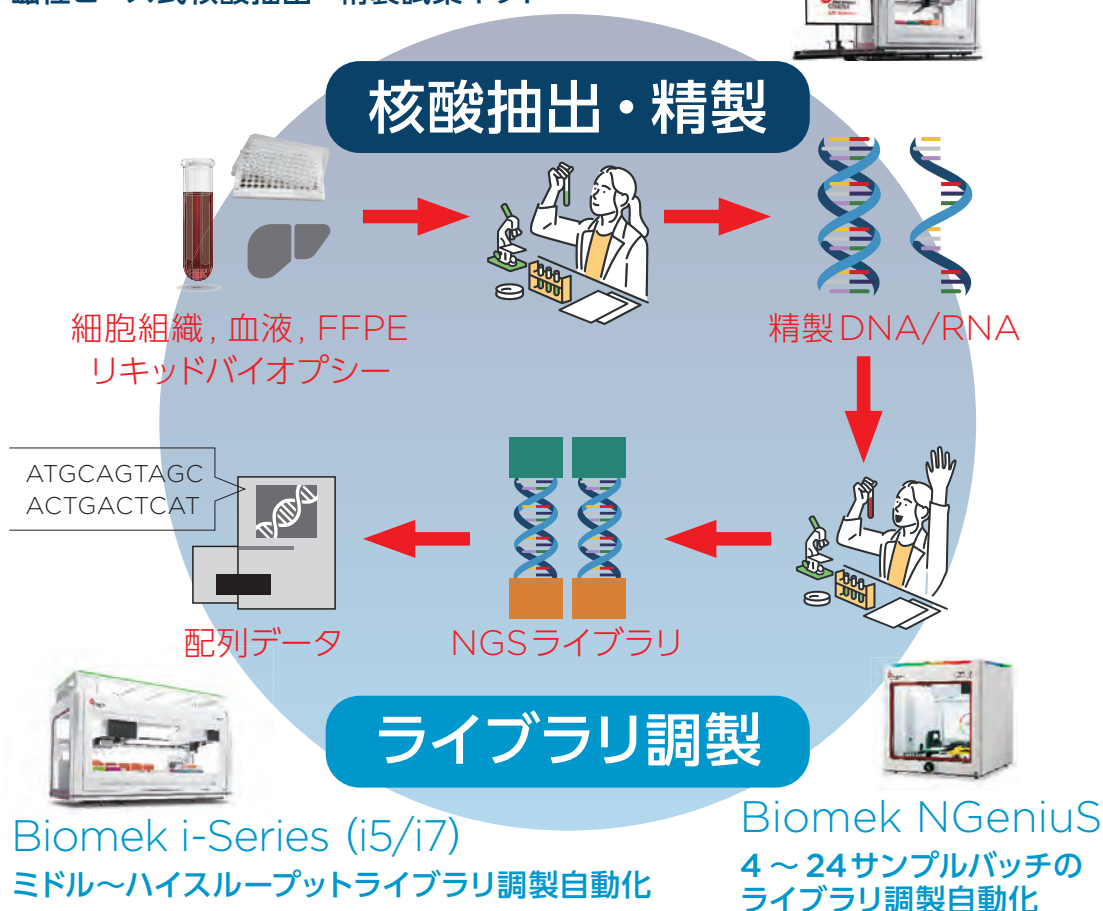
随時モニタリングを行い、
問題発生時には迅速に対応

Proactive
support

核酸抽出・精製からライブラリ調製まで ハイスループット処理を支える自動化による時短・省力化を


Agencourt SPRI Series
磁性ビーズ式核酸抽出・精製試薬キット

Biomek i5
核酸抽出・精製パッケージ
検証済みメソッド&サポートソフト搭載



独自の微量分注技術

Echo 525

ライブラリ調製 非接触分注 (チップレス) & 微量化

Beckman CoulterおよびBeckman Coulterロゴは、Beckman Coulter, Inc.の登録商標です。

ベックマン・コールター株式会社

本社: 〒135-0063 東京都江東区有明3-5-7 TOC有明ウエストタワー

お客様専用 ☎ 0120-566-730 URL <https://www.beckman.jp>

MAPSS-LS-202310-38

 **BECKMAN
COULTER**
Life Sciences

住商ファーマインターナショナル株式会社

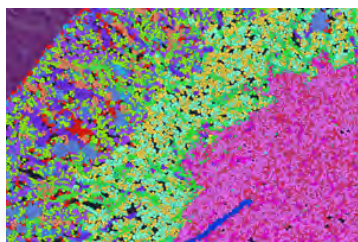
最先端のゲノム解析関連製品の輸入代理店

ナノスケールの空間解析 低コストなシングルセル解析

MGIシーケンサーで広がる可能性



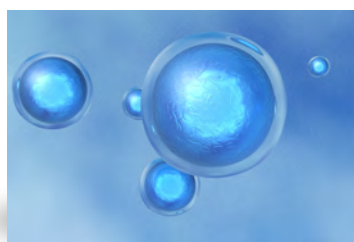
01 STOmics



ナノスケールの空間解析

GCATbio社が開発。業界最高レベルの広視野と空間解像度 (500nm) を有する。全発現遺伝子および lncRNA を対象とした空間解析技術。新鮮凍結・FFPEサンプルに対応。

02 DNBeLab Cシリーズ



簡単・安価なシングルセル解析

シングルセル 3' RNA-seq および ATAC-Seq 用に最適化されたプロトコルで高効率にシングルセルドロップレットが簡便に作製できる (<12分)。1-4 枚のチップから、フレキシブルに選択可。

03 DNBseq-E25



ポータブル次世代シーケンサー

フローセルに光学モジュール (CMOS) が搭載されており、装置自体に光学システムは不要で小型化を実現。SE 100 bp >5 時間 / PE 150 bp >20 時間のリード長と平均解析時間。

エピジェネティクス研究はDiagenodeによる安心の実績で



Picoruptor 2



超音波破碎装置

水浴の下で超音波素子から発する間接超音波による穏やかな断片化で、再現性の高い鎖長が得られる。16個の密閉したチューブを同時に処理できるため、クロスコンタミの心配無く、並列処理が可能。剪断時の温度制御でサンプル劣化を防止 (クロマチンDNA処理に最適)。

ロングリード用の長鎖DNA断片化装置 (Megaruptor3) もご用意。

Tagmentase

Diagenode製のTagmentaseは、E.coli DNAのコンタミネーションが一切なく、ATACやChIPmentationなどの次世代シーケンスにおいて洗練された解析結果を提供。また、DNAオリゴがロードされていないTagmentaseもご用意しており、MGI社をはじめとした各社シーケンサー用にカスタムしてご使用いただくことが可能。

各種エピジェネティクス研究用キットをご用意
詳しくはお問合せください



弊社取り扱い製品
に関する動画

お問合せ先

〒100-0003 東京都千代田区一ツ橋一丁目2番2号
住友商事竹橋ビル12階
TEL: 03-5220-1520 FAX: 03-5220-1521
Email: biosupport@summitpharma.co.jp



住商ファーマインターナショナル

2024. Jul



詳細はこちら

GenNext®

Shin-RamDA-seq®

Single Cell Stranded Kit

シングルセルや
微量RNAに対応

1~100細胞または10pg~1ng
total RNAからcDNAの調製が
可能です

FFPE由来の分解RNAや
PolyAをもたない
Total RNAの解析が可能

non-poly(A)RNA (lncRNA,
pre-mRNA, circRNAなど)や
分解したRNAにも使用できます

RNA全長をカバーした
解析が可能

長鎖RNAやスプライシングバ
リエーションが正確に解析でき
ます

NEW

方向性情報を維持し
より正確な解析が可能

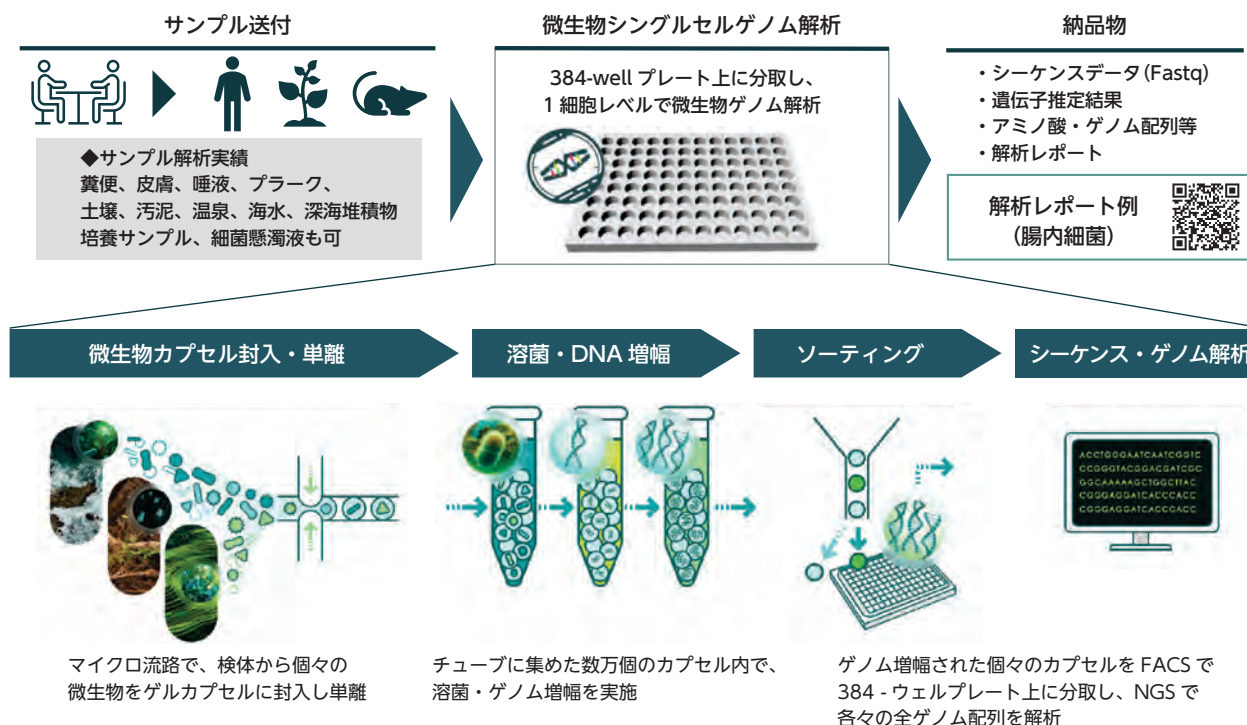
アンチセンスやオーバーラッ
プ遺伝子を明確に見つけるこ
とができます

- ◆ 既存法に比べ、検出遺伝子数アップ!
- ◆ ライブラリー調製試薬内包のため、cDNA合成からライブラリー調製までをサポート

微生物シングルセルゲノム解析



培養不要な単離プロセスを活用し、難培養性含む微生物の高品質ゲノム情報を大規模に獲得



富士フイルム和光純薬 NGS 関連受託解析

NGS 関連サービスのラインアップ

全ゲノム・エクソーム解析	シングルセル遺伝子・レパトア解析	RNA-seq・シングルセル解析サービス
シトシンメチル化解析	ハイスループット 3' 遺伝子発現解析	空間的遺伝子発現解析
バルク RNA 発現解析	エクソソーム/cf マイクロRNA発現解析	公共データベース解析
Olink プロテオミクス	空間発現解析 Stereo-Seq	バイオインフォマティクストレーニング
解析サーバ・ソフトウェア販売	解析パイプラインの構築	その他解析

オンラインセミナー、
WEB での個別相談会、
随時受付中 !!

NGS に興味はあるが、どんなことができるのか分からない、マイクロアレイからの切替を検討している、自身の研究には、どの解析手法を選択すればよいのか相談したい、シングルセル解析に興味がある…など、詳細が決まっていない場合でも随時ご相談を受け付けております。当社にお問い合わせいただければ、NGS 解析専門のスタッフとの WEB 面談・説明会を調整いたします。お一人でも研究室単位、部署単位でも構いませんので、まずはお気軽に当社 HP または jutaku@fujifilm.com までお問い合わせください。

NGS EXPO 2024 限定のキャンペーンもございます。



詳しくはこちら

詳しくは富士フイルム和光純薬ブースまでお越しください !!

富士フイルム 和光純薬株式会社

本社 〒540-8605 大阪市中央区道修町三丁目1番2号 TEL: 06-6203-3741 (代表)
東京本店 〒103-0023 東京都中央区日本橋本町二丁目4番1号 TEL: 03-3270-8571 (代表)

試薬 HP <https://labchem-wako.fujifilm.com>

E-mail: ffwk-labchem-tec@fujifilm.com

フリーダイヤル 0120-052-099

営業所: 九州・中国・東海・横浜・筑波・東北・北海道



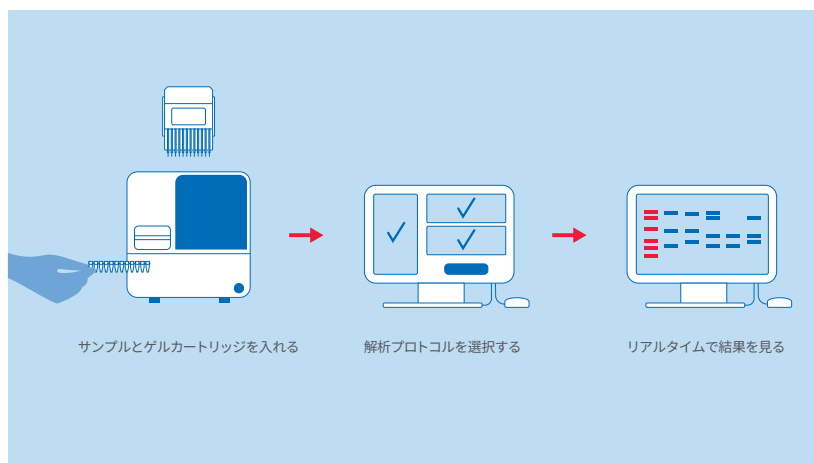
DNAまたはRNAのマルチキャピラリーゲル電気泳動装置

QIAxcel[®] Connect

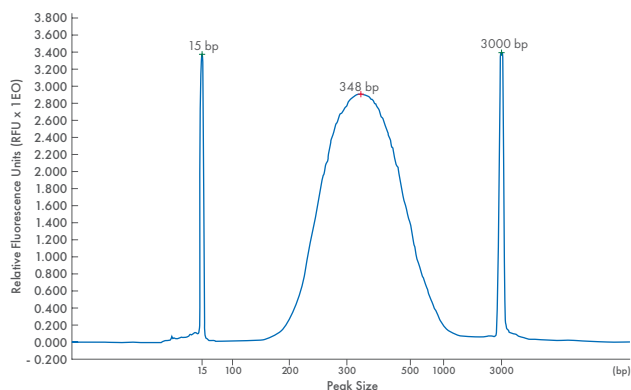


電気泳動の画像解析までを自動化したマルチキャピラリー電気泳動装置です。ゲルカートリッジ採用により、ゲル作製の手間や時間を大幅に削減できます。ゲルカートリッジは、高感度解析から高解像度解析まで幅広いアプリケーションに対応しています。

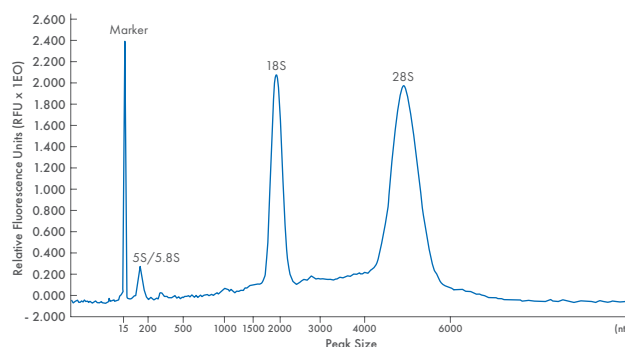
- 12 サンプルを最短 7 分で解析
- 1 ランで 96 サンプルまで解析可能
- わずか 5 pg/μL の核酸濃度を検出
- 最高 3 ~ 5 bp の分離能で高精細な解析



ゲルカートリッジ採用で簡単セットアップ



ゲノムDNA (*Escherichia coli*) から作成した NGS ライブラリーのサイズ分布の確認 (予想ライブラリーサイズ: 200~600 bp)



Jurkat 細胞から精製したRNAの品質確認



mRNA の存在量の変化とタンパク質の活性変化は あまり関係がありません。それでも…

mRNA の存在量の変動から分子機序仮説を立てたい方
薬理・病理・発生分化等の分子機序を理解したい方をサポート

QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis

25 年を超える
マニュアルキュレーション
知識ベースの活用

mRNA の存在量の変化から
重要タンパク質の関与と活性を予測

公的レポジトリの
膨大なオミックスデータの事前解釈結果
約 20 万の活用

予想外の実験系との類似性や
分子カスケードの必須分子を予測

会期中、企業ブースにて実際の解釈例をご紹介中

Bulk 並びに single cell RNA-seq データの解釈にお困りの方、キアゲンブースに是非、お越しください

QIAGEN CLC Genomics Workbench

多様な NGS データ二次解析を簡単に実行可能

QIAGEN OmicSoft

膨大なレポジトリデータを簡単マイニング

2303120 06/2024 © 2024 QIAGEN, all rights reserved.

株式会社 キアゲン | 〒104-0054 東京都中央区勝どき3-13-1 Forefront Tower II | Tel:03-6890-7300 | Fax:03-5547-0818 | www.qiagen.com/jp

超微量サンプルからのRNA-Seqライブラリー調製キット

SMART-Seq®シリーズ

Enable accurate, highly sensitive, and stranded RNA-Seq libraries

For mRNA-Seq

簡単操作・低価格

SMART-Seq® mRNA HT LP

インプット量：1~100細胞、
10 pg~1 ng total RNA



For total RNA-Seq

シングルセルからストランド情報保持ライブラリーを調製

SMART-Seq® Total RNA Single Cell (ZapR™ Mammalian)

インプット量：1~1,000細胞、
10 pg~10 ng total RNA



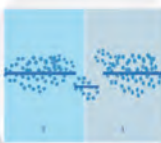
市場初のハイスループット・ シングルセルWGAソリューション

that's
GOOD
science!

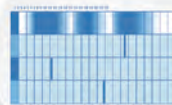


Shasta™ Single Cell System

タカラバイオの使命は、お客様のイノベーションを支援することです。新しいシングルセル自動調製装置であるShastaシステムは、市場初のハイスループットなシングルセルWGA解析に加えて、全長scRNA-Seq解析など、独自のアプリケーションを提供しています。



シングルセル分解能
でのCNV検出



腫瘍サブクローナル
解析

F.A.S.T.™

96-Channel Positive Displacement Sample Transfer

F.A.S.T. (Flow Axial Seal Tip)はプレート間のサンプルトランスファーが可能で、正確かつ簡潔な分注機です。96チャンネルのヘッドとポジティブディスプレイメント方式の分注により、液体の粘度に関係なく正確且つ迅速なサンプルトランスファーが可能です。F.A.S.T.は、微量のサンプルトランスファーにおいても高い精度・精密さ・信頼性を備えており、実験の効率化と共に試薬コストを削減することができます。

Benefits

- **Fast** - 96チャンネルのヘッドで試薬の分注時間を短縮
- **Flexible** - 96/384ウェルプレート間の試薬のトランスファーに、1/8/12/96チップのいずれかを使用することで、消耗品の節約が可能
- **Versatile** - チェリーピッキング、連続希釈、プレートコピー（ブロードキャスト、broadcast, mother- daughter transfers）を容易に行うことができます。
- **Liquid Class Agnostic** - チップはポジティブディスプレイメント方式のため、粘度の高い試薬においても精度の高い分注が可能
- **Compact** - デスクトップで使用できる大きさ、さらに他のオートメーション機器との統合が可能のため、ラボのスペースを最小化出来ます。
- **Zero Cross-Contamination** - ディスポーザブルチップのため、クロスコンタミネーションのリスクの心配がありません。
- **Smart** - チップポジションセンサー、チップ自動配置、衝突検知など、複数の最新技術を搭載しているので、安心してトランスファーができます。



少量サンプルトランスファーの時間を節約

あらゆる粘度の液体を高精度に
吸引・吐出
(CV 5% @ 0.1 µL).



ワークフローや予算に合わせた柔軟な対応

1度に使うチップの本数を選択可能
(1~96本)

SBS規格のマイクロプレートに対応
(IFC プレート等にも対応)



ゼロベースから数分で実行可能

使いやすいソフトウェア

デフォルトにて様々なプロトコル設定

MANTIS®

Precise Liquid Dispenser

Mantisは、ビーズ、細胞、タンパク質、酵素、マスターミックスを含むさまざまな溶液を確実に分注できる、微量・低デッドボリウムの非接触型ディスペンサーです。

Key Features

- **Verify Every Dispense Run** - Quality Control Droplet Detection Stationが分注の開始と終了時に液滴が確実に分注されたかを検出します
- **Know the Status of Your Dispense** - LED Status Barにより分注の状態を一目で確認できます
- **Even Better Precision and Accuracy** - High-Fidelity Chipsにより、より精密な分注が可能になります (100 nLでCV < 2%)
- **Tackle High Viscosity Reagents** - High Viscosity Continuous Flow Chipsを使えば、これまで以上に粘度の高い試薬を分注できます
- **Compatible with a Broader Range of Plates** - Adaptable Plate Clampは、薄底プレートにも対応
- **Define your Labware in Seconds** - Mantisのnew Interactive Labware Teaching moduleにより、新規ラボウェアの追加登録が簡単になります
- **Ensure Even More Uptime** - 新しいMantisには、Automated Breach Detectionなどの安全機能が改善され、さらに堅牢になりました
- **Seamless Operation in Regulatory Environments** - 21 CFR Part 11対応ソフトウェア搭載
- **Small Footprint** - 省スペース設計；各種バイオセーフティキャビネットに設置可能



Reduce Costs

ピペットチップを使わない、分注プロトコルのミニチュアライゼーション



Reproducible and Accurate

最小100 nL の分注量でCV < 2%を実現



Versatile and Flexible

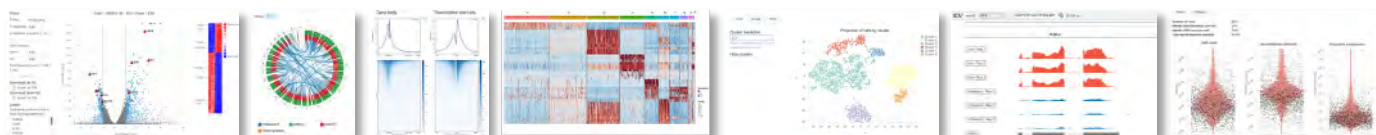
幅広いアプリケーションに対応する試薬分注

クラウドベースのNGSデータ解析プラットフォーム

basepair

シンプルはUIで、fastqがあれば解析を実行できます。共有機能も備え、チームメンバーやバイオインフォマティシャンにも同じ内容を確認してもらうことができます。

主要なアプリケーションは実装済み。一定程度の解析がベンチサイエンティストで完結できるため、バイオインフォマティシャンは、ルーチンの解析から解放され、より高次の解析に注力できるようになります。



 {wdl} 

✓ 柔軟なカスタマイゼーション

構築済みのパイプラインやワークフローをBasepairに組み込むことが可能です。シーケンサーからのデータの自動取り込みやプロットなどカスタムレポートにも対応します。APIも用意。CLIによる操作も可能で、自動化にも対応しています。

✓ 高速・並列処理、自動化

インスタンス自動起動・シャットダウンするため、必要に応じたスケーリングが可能です。並列実行するように最適化されており、数千台のマルチコアサーバーを実行する能力があります。

✓ “Connected Cloud”

自社のEC2やS3リソースに安全に接続することができます。Basepairのシンプルなインターフェースやユーザー認証機能などはそのまま利用しつつ、自社のリソースを活用することができます。

サンプル数に応じた従量課金制※

例) RNA-Seq : 6,000円/サンプル (税別)

※ 年間ライセンスもご用意しています。

PC・サーバーの用意やインストールは不要です

<https://basepairtech.jp>



株式会社ASTRIDE 福島県福島市野田町3-4-36 TEL : 050-5897-8199 EMAIL : tech@astride.jp



シングルセル解析を加速する 画期的なサンプル調製

絶対に失敗できない、貴重なサンプルを最適化



VIA Extractor™
組織分散装置

製品紹介動画は[こちら](#)

Cytiva (サイティバ)

グローバルライフサイエンステクノロジーズジャパン株式会社
〒169-0073

東京都新宿区百人町3-25-1 サンケンビルディング

お問合せ：バイオダイレクトライン

TEL : 03-5331-9336

e-mail : Tech-JP@cytiva.com

www.cytivalifesciences.co.jp

Cytiva and the Drop logo are trademarks of Global Life Sciences IP Holdco LLC or an affiliate.

VIA Extractor™ and VIA Freeze™ are trademarks of Global Life Sciences Solutions USA LLC or an affiliate doing business as Cytiva.

© 2023 Cytiva

All goods and services are sold subject to the terms and conditions of sale of the supplying company operating within the Cytiva business.

A copy of those terms and conditions is available on request. Contact your local Cytiva representative for the most current information.

For local office contact information, visit cytiva.com/contact

NGS臨床研究のトータルソリューションプロバイダー



LIUDUS® Platform

- ・ HaploX 独自開発
- ・ 実験及び情報分析プロセス制御システム
- ・ 高度な自動化
- ・ 100,000 以上のサンプルに適用済み

多様なプラットフォーム



NovaSeq6000



DNBSEQ-T7



NovaSeq X Plus



DNBSEQ-G400



NextSeq 500/550



Exactive™ HF-X



Orbitrap Fusion™ Tribrid™



AB Sciex Qtrap 6500+

お問い合わせ

- HaploX JAPAN株式会社
- 〒532-0072大阪府大阪市堂山町1番5号三共梅田ビル6階センターオフィス内
- hapjp@haplox.net

Non-contact focused ultrasonication system



BoFu-1600

- Samples preparation of genomics and proteomics
- Genome fragmentation in NGS
- Cell and tissue disruption for genome or protein extraction



BoFu-100



BoFu-60

Model	Sample Position	Power	Throughput
BoFu-60	1 samples/batch	60W	Low throughput
BoFu-100	1 samples/batch	100W	Low throughput
BoFu-1600	16 samples/batch	100W	Medium throughput

Contact info:

☎ : +86-755-8672 7654

✉ : marketing@longlighttech.com

🌐 : <https://en.longlighttech.com/>

📍 : No. 202, Block B, Nanfeng Building, Nanshan Yungu Innovation Industrial Park, No.4093,Liuxian Avenue,Nanshan District, Shenzhen

サブセルラーレベルの高解像度

Stereo-seq

空間トランスクリプトーム 解析受託サービス

- ✓ 組織切片処理からデータ解析までの一貫したサービス
- ✓ ナノスケールの高解像度と広い解析範囲 1cmx1cm、新チップ (1cmx2cm chip) Coming Soon
- ✓ バイオインフォマティクスのエキスパートが解析をサポート



スポット直径
220nm



密度400スポット
/100 μ m²の解像度



約10億リード
/チップのデータ量

サンプルの作成方法などの詳細はお問い合わせください。

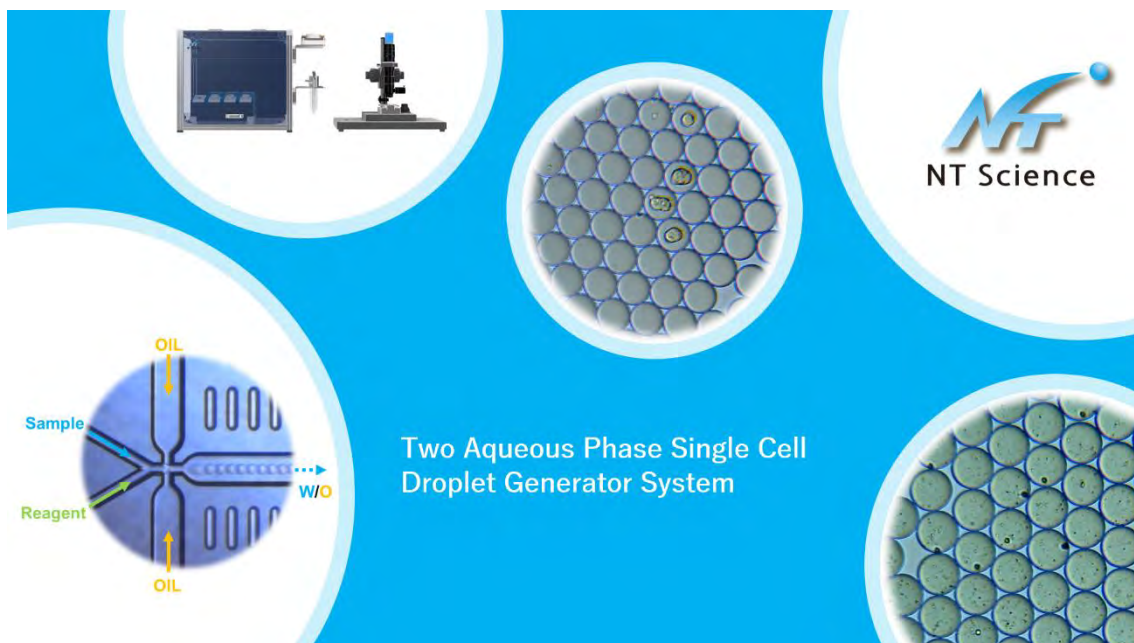
mirxes
TO KNOW. TO ACT.

MiRXES Japan 株式会社

東京都千代田区神保町2-11-15 住友商事神保町ビル2F | TEL 03 4530 3165 | mirxesjapan.com

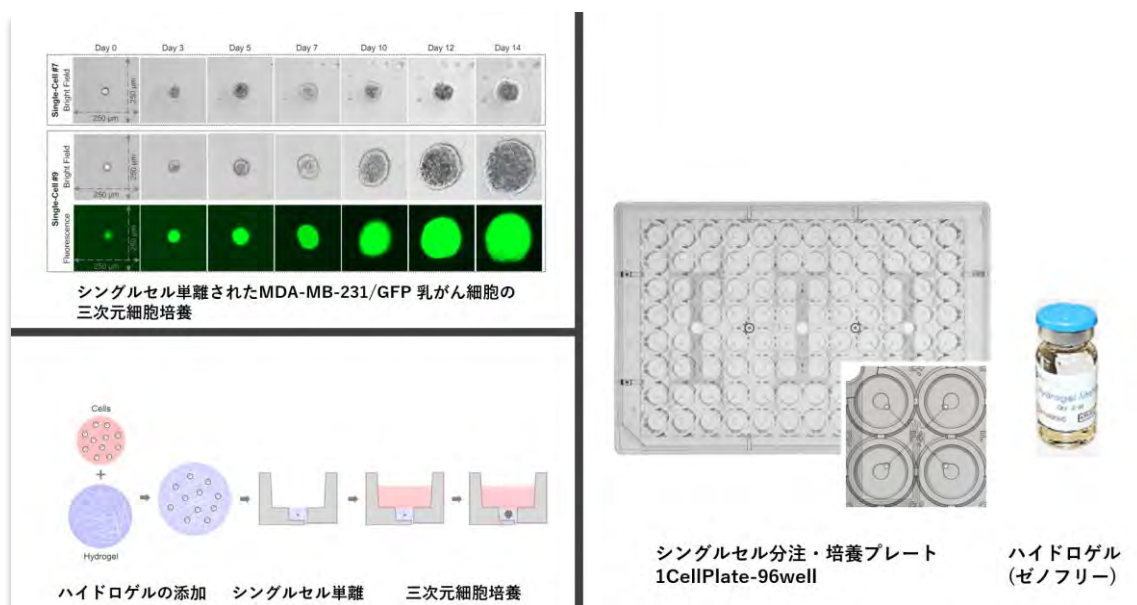
特別な明示が無い限り、Mirxes の製品とサービスは研究目的にのみ提供され、治療・診断・検査に用いることは出来ません。
本広告に記載されている商品名等は、特に記載はなくても各社の商標、または登録商標です。





シングルセルドロップレットジェネレーター DMSCS

シングルセル単離からドロップレット内共培養まで広い選択肢と自由度



1CellAssay 3D Culture キット SCSCP

シングルセル由来スフェロイド作製：装置不要でクローンスフェロイド・オルガノイドを用いた薬物スクリーニングや薬物毒性実験を可能に

細胞ごと、ともに挑む。

マルチプロ
multiproTM

免疫プロファイリング用オリゴヌクレオチド標識抗体



NEW!

シングルセル RNAseq (scRNAseq) とともに、
細胞内／表面タンパク質発現の同時解析を実現。

オリゴヌクレオチド標識抗体



- ヒト固定細胞用オリゴヌクレオチド標識抗体
- CD マーカー、サイトカイン、転写因子を含む、カクテル抗体試薬や単品抗体をラインアップ
- 10x Genomics[®] 社 Chromium[®] Single Cell Gene Expression Flex キット適合

セールス / テクニカルサポート



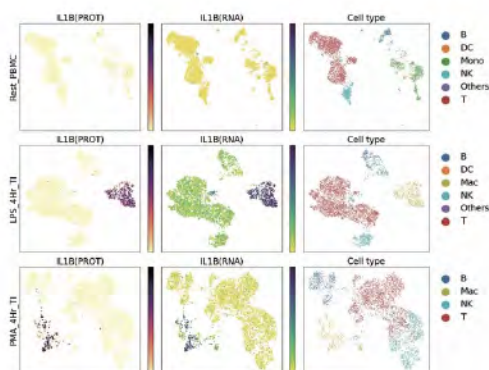
株式会社 プロテインテック・ジャパン

国内販売



人と科学のステキな未来へ
コスモ・バイオ株式会社

マルチプロ
multiproTM を用いた解析例



データ例: IL-1 β

Proteintech Genomics

End-to-end Single Cell Solutions

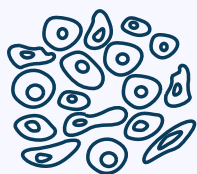
Visit the Singleron/AS ONE booth to learn more

Experience Full Spectrum Single Cell Sequencing



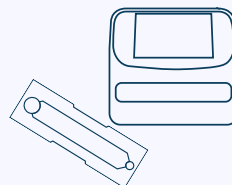
Fresh tissue preservation

- Tissue preservation buffer
- Maintains viability for up to **72 hours**



Automated tissue dissociation

- Walk-away automation
- Up to 8 samples in 15 minutes
- High yield and viability
- Validated in **300+** tissue types



Multi-omic library preparation

- Gentle and robust
- **Instrument-free** or **automated**
- Single cell/ nuclei analysis
- Wide selection of multi-omic solutions



Bioinformatics

- **Code-free** data analysis
- Curated clinical database
- Advanced bioinformatics services available



Questions?

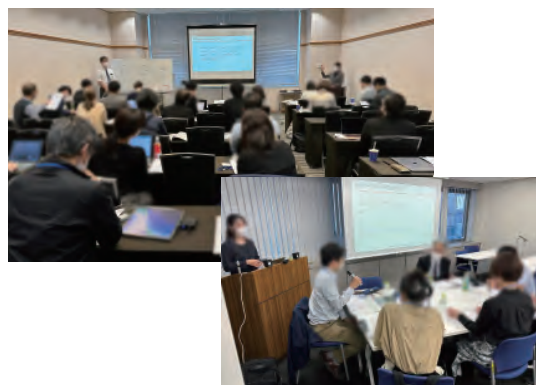
Our team of single cell experts is happy to assist you.

Scan to contact us



バイオインフォマティクス・トレーニング

データ解析しながら学ぶ実践型のトレーニングを通して、初学者や人材育成を支援します。



累計のトレーニング受講者は
1,100 名以上

厚生労働省委託事業「がんの全ゲノム解析に
関する人材育成推進事業」4 年連続採択

領域横断	ITインフラ領域	プログラミング領域	NGS/SNP/発現アレイ領域
概論セミナー (1.5時間)	基礎科目 (6時間、*は3時間)		応用科目 (3時間、**は4時間)
バイオインフォマティクス概論 (座学のみ)	Linux入門	R入門	RNA-seq解析**
		Python入門	シングルセルRNA解析【Seurat】**
			シングルセルRNA解析・発展
			がん変異解析
		シェル スクリプト入門*	遺伝性変異解析
			マイクロアレイを用いた発現解析
			ゲノムワイド関連解析 (GWAS)
			メタゲノム解析
			ATAC-seq解析**
			ChIP-seq解析
			CUT&RUN-seq解析**



大学臨床研究医様

事前学習期間中に自分のペースで、理解度の浅いところなど重点的に学習できた。また、整備されたサーバ上でデータ解析を繰り返し実習でき、トライ&エラーで理解度が上がってよかった。事前学習でつまづいた部分もあったが、ハンズオン質問会で解決できた。

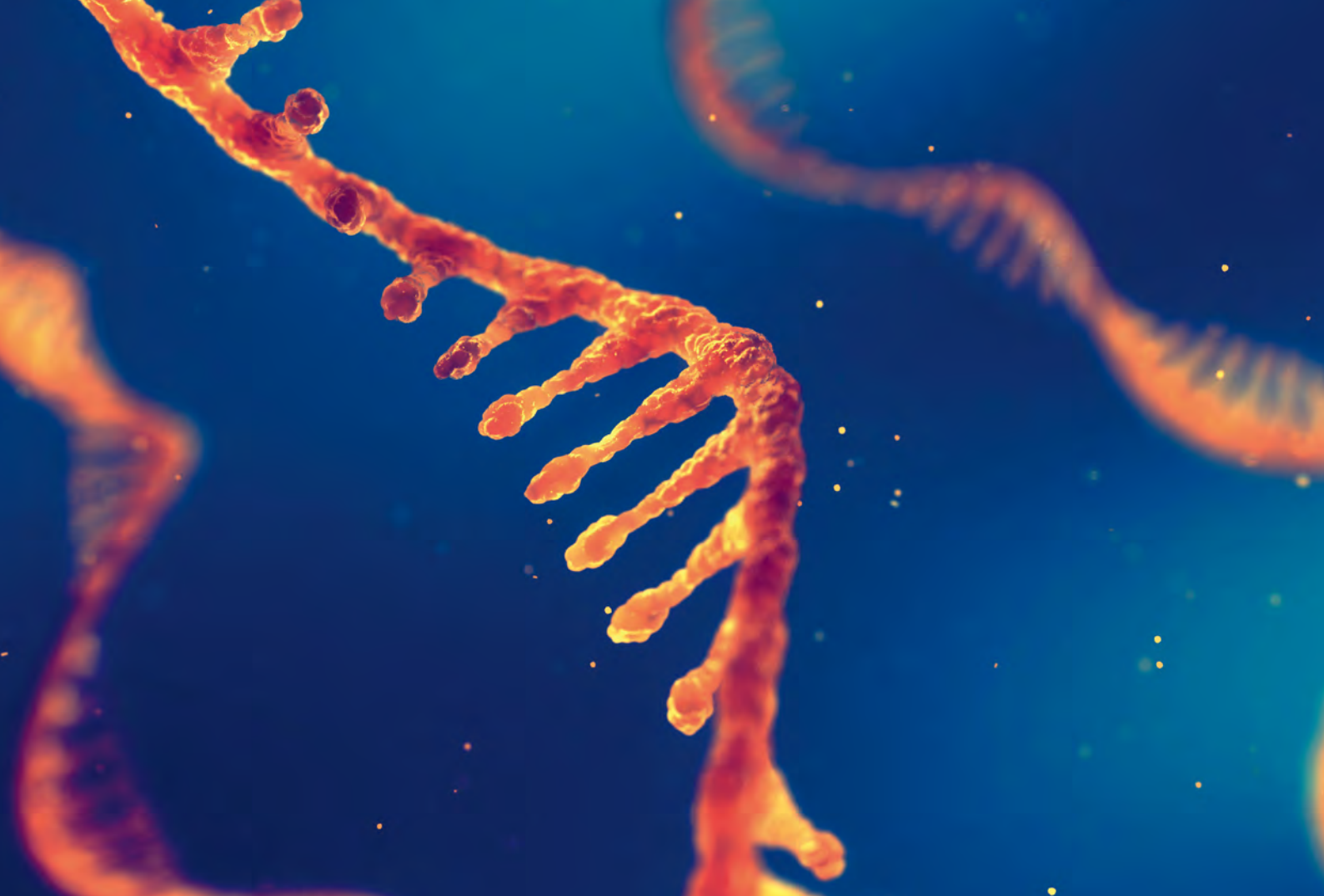
普段から R を少し触っているが、しっかり学ぶ機会はこれまでなかった。基礎から丁寧に教えていただき、実際に RNA-seq 解析を実行できた。また、初歩的な質問も気軽にできる雰囲気良かった。



国立研究所研究員

くわしくは
▼こちら▼





Why nanopore sequencing for cancer research?

New dimensions of cancer biology with full-length transcripts from single cells

- Resolve complex tumour microenvironments
- See full-length immune receptor and neoantigen sequences in one read
- Reveal RNA splicing diversity and isoform expression in cancer development

Decipher cancer heterogeneity at single-cell and spatial resolution



Find out more

Anything • Anyone • Anywhere



visit • nanoporetech.com follow • [@nanopore](https://twitter.com/nanopore)

Oxford Nanopore Technologies and the Wheel icon are registered trademarks of Oxford Nanopore Technologies plc in various countries. © Oxford Nanopore Technologies plc. All rights reserved. Oxford Nanopore Technologies products are not intended for use for health assessment or to diagnose, treat, mitigate, cure, or prevent any disease or condition.

トランスクリプトーム・エピゲノムNGS受託解析

プロモーター単位の遺伝子発現解析が可能なトランスクリプトーム解析CAGE (5' RNA-seq)、エンハンサーの網羅的解析を可能にする新手法NET-CAGE、さらにATAC-seqなど、トランスクリプトームからエピゲノムにつながる受託解析をご用意しています。



RNA pol II産物の5'末端を捉える「5'RNA-seq」

CAGE

- ✓ RNA-seqと比べ定量性が高い遺伝子発現解析
- ✓ 遺伝子単位に加えてプロモーター単位の発現変動解析も可能
- ✓ プロモーター近傍にある転写因子結合モチーフのエンリッチメント解析が可能

まさに合成中のRNA pol II産物を用いた5'RNA-seq

NET-CAGE

- ✓ ある時点でのRNAの転写量に基づく遺伝子発現解析が可能
- ✓ 短寿命のエンハンサーRNAを捉えてエンハンサーをゲノムワイドに検出

ライブラリー作製からインフォマティクス解析までトータルで受託

ATAC-seq

- ✓ オープンクロマチン領域を網羅的に検出



株式会社ダナフォーム

✉ : ngs.support@dnaform.jp

本社：神奈川県横浜市鶴見区鶴見中央2丁目6-29 アスク・サンシンビル3F



<https://www.dnaform.jp/ja/products/NGS>



国内NGS解析が安くて早い!

提供可能サービス:

全ゲノムシーケンス

(90Gb4サンプルもしくは360Gb相当)

レーンシーケンス

(375Gb)

プラットフォーム: NovaSeq X Plus

【注意事項】

- キャンペーン用のフローセルキット限定価格 (フローセルキットがなくなり次第終了します)。
- 日本ラボシーケンス限定サービスです。

サイトでお問合せ



最短で納期1週間からのハイスピードシーケンス!※

※ レーンシーケンスはフローセル単位 (8レーン) で実施されるため、空きレーンを丁度埋めるタイミングでご注文を頂いた場合は最短1週間で納品できる場合がございます (納期はお約束ではございません)

海外解析の定番アイテムは常にお得! (状況によりさらにお値引き可能です)

アプリケーション	サービス内容	データ量	税別参考価格
真核生物mRNA-Seq	DNBSEQ-T7 150PE/Strand解析	4Gb/13M	22,160円
		6Gb/20M	24,720円
		9Gb/30M	28,560円
真核生物mRNA-Seq	NovaSeq X Plus 150PE/Strand解析	4Gb/13M	26,100円
		6Gb/20M	28,500円
		9Gb/30M	32,100円
ギガ売り! ライブラリーシーケンス	NovaSeq X Plus 150PE (1Gb単位)	1Gb	1,800円 50Gb以上は1,500円

別途、検体取扱手数料 (税別6,500円) とデータ返却費用 (税別4,900円〜) が生じます。



ノボジーン株式会社

jp.novogene.com amea-jk-sales@novogene.com
in NovogeneAIT f NovogeneAMEA X NovogeneJapan
〒103-0025
東京都中央区日本橋茅場町2-7-10茅場町第3長岡ビル7階

SEQuoia™ RNA-Seq Library Prep Kit

RNA-Seq 用ライブラリ調製キットシリーズ

ステップ数が少なく
短時間で完了する、
シンプルな調製
ワークフロー

高度に設計された
SEQzyme の
連続合成反応による
高いキャプチャ効率

クラウドおよび
Docker コンテナの
解析プラットフォーム
を無償提供

SEQuoia（セコイア）シリーズは、アダプター付加と cDNA 合成の連続合成反応を特徴とする SEQzyme を使用した、Illumina プラットフォーム用 RNA-Seq ライブラリ調製キットです。短時間かつ少ないステップで完了する調製ワークフローと、低バイアスで高いキャプチャ効率が特長です。



SEQuoia Complete Stranded RNA Library Prep Kit

短鎖～長鎖 RNA を一度にまとめてライブラリ化可能で、微量サンプルや FFPE に対応する高性能ライブラリ調製キット



SEQuoia Express Stranded RNA Library Prep Kit

わずか 3 チューブ、3 時間プロトコルの迅速ライブラリ調製キット

キャンペーン中



SEQuoia Dual Indexed Primers

12 種類（チューブ）または 96 種類（プレート）フォーマットのマルチプレックス用 Dual Indexed プライマー



SEQuoia RiboDepletion Kit

低発現 RNA の保持に優れ、マルチプレックス処理によりコスト削減も可能なポスト・ライブラリ調製 rRNA 除去キット

キャンペーン
実施中！

SEQuoia RNA-Seq ライブラリ調製キット 初回購入限定キャンペーン

簡単な 3 時間ワークフローが好評の SEQuoia Express Stranded RNA Library Prep Kit, 24 反応を初回購入に限り **60%OFF** の特別価格でご提供します。

キャンペーン詳細は、bio-rad.com/SEQuoiaCP-jp、または右の QR コードからキャンペーン特設サイトをご覧ください。

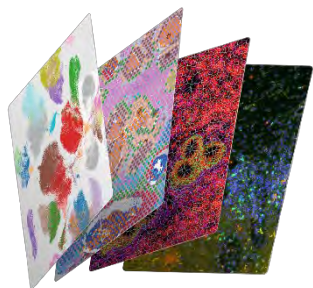


本製品は研究用であり、診断目的にはご利用いただけません。

NGS EXPO2024 展示ラインナップ

研究用ソフトウェア

シングルセル・空間オミクス データ解析 (BioTuring)



- ✓ 複雑な解析をマウス操作で簡単に
- ✓ 細胞種の自動アノテーションや高度な下流分析
- ✓ 公共データの再解析と結合によるアトラス作成

科学機器

酵素フリーな組織分散 TissueGrinder (Fast Forward Discoveries)



- ✓ 酵素を使わず、数分で処理完了
- ✓ カスタマイズ可能なプロトコルにより様々なサンプルに対応
- ✓ フィルターろ過まで統合されたシステムにより汚染リスクを最小化

研究用ソフトウェア

非モデル生物NGSデータ解析 OmicsBox (BioBam)



- ✓ 実績の高いオープンソースツールを簡単に解析
- ✓ DNA、RNA、メタゲノムなど幅広い解析をカバー
- ✓ ロングリードRNA-Seq、非モデル生物のscRNA-Seq

科学機器

シングルセルマルチオミクス解析装置 Tapestri Platform (Mission Bio)



- ✓ ハイスループットなシングルセルDNA/マルチオミクス解析を実現
- ✓ 標的 DNA 領域上のSNV/Indel/CNV、細胞表面タンパク質を一度に検出
- ✓ 独自に設計できるカスタムパネル

研究用ソフトウェア

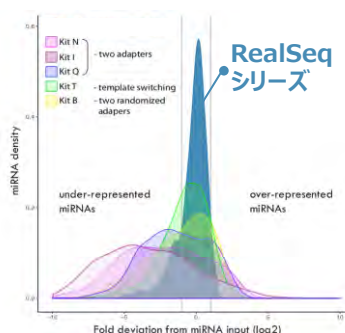
オミクスデータ解析用プラットフォーム Omics Playground (BigOmics Analytics)



- ✓ トランスクリプトーム、プロテオーム、マイクロアレイに対応
- ✓ 発現変動解析、GO解析、パスウェイ解析、GSEAなど様々な解析が可能
- ✓ 研究者どうしで解析結果の共有が可能

研究用試薬

Small-RNA ライブラリー調製キット RealSeq シリーズ (RealSeq Biosciences)



- ✓ 独自の単一アダプターとの環状化ライゲーション法
- ✓ 他社製品より低バイアスかつ高感度なmiRNA検出
- ✓ 細胞、組織由来サンプル、液体生検由来サンプル

次世代のシングルセルテクノロジー

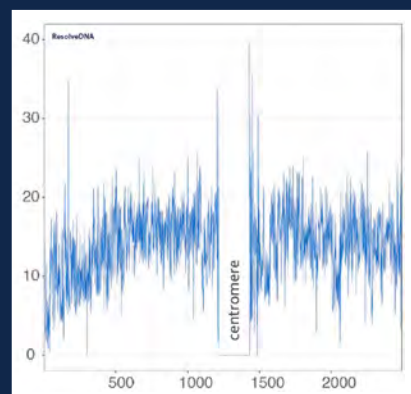
Primary Template-directed Amplification (PTA)
技術を利用した均一で正確性の高い全ゲノム増幅

ResolveDNA®

シングルセル全ゲノム増幅キット

- シングルセルからバルクサンプルの品質でゲノムカバレッジが得られます
- アレルのドロップアウトやバイアスが既存の全ゲノム増幅法と比較して著しく低いです
- 一次テンプレート特異的な増幅により、97%以上のリードがヒトゲノムにマッピングされます
- わずか30分のハンズオンタイムで実施可能な簡単でユーザーフレンドリーなワークフローで、自動化も可能です

SNV、CNVのより正確な評価をもたらし、細胞の不均一性や多様性を理解することに役立ちます



▲ 高いカバレッジと均一性
ヒト第一染色体100kb binでのカバレッジをプロットした図。

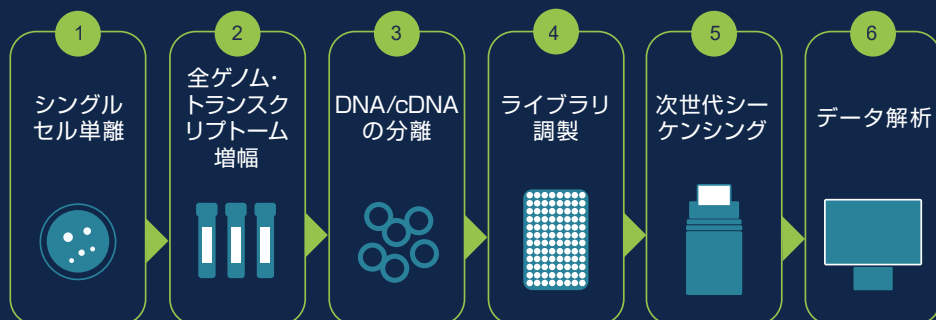
ResolveOME™

シングルセル全ゲノム・トランスクリプトーム増幅キット

一つの細胞から全ゲノムと全長 mRNA トランスクリプトームライブラリが構築できます

細胞分離からシーケンシングライブラリまで、一日で調製可能です

ResolveDNAと同じ品質の全ゲノム増幅パフォーマンスを示します



▲ ResolveOME ワークフロー



SNV, Indel, CNV, ゲノム構造変化、発現量変化、スプライシングバリエーション、遺伝子融合などの多面的かつ複合的な解析ができ、包括的なシングルセル解析が可能になります

詳しい製品情報は
こちらから ▶



Macrogen JAPAN シングルセル解析サービス

シングルセルRNA-Seq

10X GENOMICS社 Single Cell Gene Expression Flex

従来のバルクシーケンシングと比較して、細胞間の異質性やサンプリングバイアスを解消し、個々の細胞の異なる振る舞いをより正確に捉えることができる解析です。

細胞の分類や発生の解明、病態解析など幅広い研究領域での応用が見込まれます。凍結・固定サンプル・FFPEからもシングルセル単位での遺伝子発現アッセイが対応可能！！



対象生物種	ヒト・マウス
ご送付サンプル	凍結細胞、凍結組織、FFPE切片、固定化細胞
受注単位	4検体単位
使用シーケンサー	NovaSeqX Plus 1lane (10Bフローセル)

※対応が難しい組織（細胞）種類があるため、事前に必ずお問い合わせください。
※すべて日本国内の実験施設にて実施致します。

in situ / 空間解析 Xenium in situ 解析

10X GENOMICS社のXenium in situ により、切片上のどの細胞レベルでどのような遺伝子が発現しているのか解析可能です。

対象生物種	ヒト・マウス
ご送付サンプル	切片を張り付けたXenium専用スライド (Incubationまで終了したもの)
対象組織	脳・肺など
使用機器	Xenium Analyzer



CosMx SMI 解析

Nanostring社CosMx SMI(Spatial Molecular Imager)は、FFPEおよび新鮮凍結（FF）組織切片を用いて、ターゲットとなるタンパク質や遺伝子を可視化・定量化することが可能です。

対象生物種	ヒト・マウス
ご送付サンプル	切片を張り付けたスライド (Incubationまで終了したもの)
対応サンプル	FFPE組織、新鮮凍結組織、オルガノイド、培養細胞
使用機器	CosMx SMI

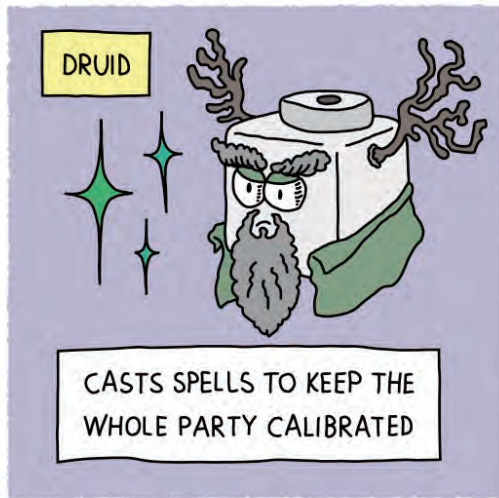


仕様、販売価格、スライドの在庫状況に関して、弊社代理店もしくは、
ngs@macrogen-japan.co.jp
までお問い合わせください。



お問い合わせフォーム

ピペット専用検査器
SmartCheck



信頼のマイクロピペット
XLS+/PL+



メトラー・トレド レイニンの マイクロピペットとその仲間をご紹介します



電動連続分注器
NanoRep



ピペットコントローラー
SP+/SP

サステナブルな取り組み



▶ greenerpipeting.com

キャンペーン情報



▶ mt.com/jp-campaign

製品カタログ



▶ mt.com/jp-rainin-catalog



レイニンにはピペットに加え
チップ、サービス、さらに管理に関する
ソリューションを提供しています。

メトラー・トレド株式会社 レイニン事業部

〒110-0008 東京都台東区池之端2-9-7 池之端日殖ビル1F

TEL: 03-5815-5515 | www.mt.com/rainin | Support.jp@mt.com

RAININ
Pipetting 360+



Establish or expand your genomics facilities.



Omni ビーズ/プレート
ミルホモジナイザー



chemagic™ 核酸抽出装置/試薬



Nivo™ マルチモードプレートリーダー



Fontus NGS ワークステーション
NEXTFLEX™ ライブラリー調製キット



LabChip™ GX Touch™ HT核酸電気泳動装置

RevvityのNGS前処理およびゲノミクスワークフローソリューションは、ラボの効率を向上させ、ニーズの変化に柔軟に対応します。

- サンプルのホモジナイゼーション
- 核酸抽出
- 核酸定量
- ライブラリー前処理の自動化
- ライブラリーの品質管理

For more information
株式会社レビティジャパン
www.revvity.co.jp/contact-us

本製品は研究用です。
診断にはご使用いただけません。



Scan me

「シングルセル分注」「ウォッシング」「ライブラリー作製」 これらのフローを革新的に効率化します!!

■細胞にやさしい分注「シングルセル分注装置 X.SIGHTシリーズ」



画像認識で確認し分注するため、
細胞へのダメージが少ないシングルセル分注装置です。

- ・ 明視野を利用した分注で細胞ダメージ 小
- ・ 96ウェル最速2～3分
- ・ PCRチューブの中心に正確に分注可能
- ・ 分注時+ターゲットウェルを断層撮影し、モノクロナリティを2重で保証

■最小分注量8nL「高速微量分注装置 I.DOTシリーズ」

空気圧で微量を正確に高速に分注する分注装置です。

- ・ 分注範囲 8nL～80μL
- ・ 一度に最大96種の試薬を使用可能
- ・ dead volume <1μL (H₂O)
- ・ Buffer、グリセロール50%、DMSOも分注可能
- ・ 高速：384ウェル 20秒、1536ウェル 80秒



■遠心を利用した液体除去「プレートウォッシャー C.WASH」



遠心力を利用して液体の除去を行う、新しい発想の
プレートウォッシャーです。

- ・ 1回の洗浄で残液量 <0.1μL
- ・ 非接触洗浄（洗浄 & 分注）
- ・ 96、384ウェルへ分注も可能
- ・ 4つの液体を同時に使用可能

学術変革領域研究『学術研究支援基盤形成』『先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム』

「先進ゲノム支援」課題募集

〈次回公募予定(年1回)〉

対 象：2025年度科研費課題(延長・新規採択を含む)

公募期間：2025年4月～5月(予定)

支援内容：新規ゲノム解析、変異解析、修飾/エピゲノム解析

RNA解析、メタ・環境・ホログゲノム解析

シングルセル解析、空間的オミックス解析、情報解析



詳細は領域HPへ

<https://www.genome-sci.jp/>

先進ゲノム支援事務局

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所



初回購入
**30%
OFF!!**

初回購入限定キャンペーン

キャンペーン期間 ～9月30日(月) 弊社受注分まで

少ないDNA量でもライブラリー調製OK

DNAライブラリー調製キット

New

KAPA EvoPlus V2 Kit

エボプラス

1. 微量DNA対応、ライブラリー収量UP!

KAPA EvoT4 DNAリガーゼの導入により、最小0.1 ngから、高効率のライブラリー調製が可能になりました。

2. フラグメンテーション性能の向上

断片化時間やインプットDNA量の調製によって、お望みのインサートサイズが得られます。

3. 誰でも使える簡単ライブラリー調製!

1チューブで反応が行える簡単さ



KAPA EvoPlus V2 Kit



KAPA EvoPlus V2 Kit (PCR-free)

ライブラリー調製を簡単に行いたい方にオススメ
この機会にぜひお試しください!

Cat.No.		反応回数	価格(税抜)	特別価格
09 420 037 001	KAPA EvoPlus V2 Kit (KAPA Library Amp Primer Mix / KK2623 付)	24反応	¥118,000	¥82,600
09 420 053 001	KAPA EvoPlus V2 Kit (KAPA Library Amp Primer Mix / KK2623 付)	96反応	¥398,000	¥278,600
PCR-free				
09 420 045 001	KAPA EvoPlus V2 Kit	24反応	¥112,000	¥78,400
09 420 304 001	KAPA EvoPlus V2 Kit	96反応	¥380,000	¥266,000

製品の詳細はこちら



製品カタログ
はこちら



生命を科学する 明日の医療を切り拓く

実験医学

月刊	毎月1日発行 B5判 定価 2,530円(本体 2,300円+税10%)
増刊	年8回発行 B5判 定価 6,160円(本体 5,600円+税10%)

<定期購読のご案内>

冊子のみ	■通常号(月刊) → 30,360円 ■通常号(月刊)+増刊 → 79,640円
冊子+WEB版	■通常号(月刊)+WEB版(月刊) → 35,640円 ■通常号(月刊)+増刊+WEB版(月刊) → 84,920円

※表示価格は税10%込みです

スマホで読める 実験医学

「実験医学」を記事ごとに購入できる!



月刊
2024年
1月号

AI・シミュレーションによる 科学的発見は可能か?

複雑な生命現象・疾患の未知なるメカニズムを解く
山本陽一朗/企画

増刊
Vol.41
No.15

マルチオミクス データ駆動時代の疾患研究

がん、老化、生活習慣病 最新のオミクス統合で挑む
標的探索と病態解明

大澤 毅/編



実験医学別冊

実験デザインからわかる

シングルセル研究実践テキスト

シングルセルRNA-Seqの予備検討から解析のコツ、
結果の検証まで成功に近づく道をエキスパートが指南

実験計画のポイント、
サンプル調製、Seurat、
Scanpyなど
解析ソフトの
実例コードや、
外注の検討事項まで、
全体の流れを把握して
即戦力をつけたい
あなたに!

大会長
大倉永也先生
編集



大倉永也、渡辺 亮、
鈴木 稯/編

■定価 7,920円(本体 7,200円+税10%) ■B5判 ■323頁
■ISBN 978-4-7581-2270-2

実験医学別冊

誰でも再現できる

NGS「前」サンプル 調製プロトコル

生物種別DNA、RNA、クロマチン、
シングルセル調製の極意

鹿島 誠、伊藤 佑、尾崎 遼/編

■定価 7,700円(本体 7,000円+税10%)
■B5判 ■441頁
■ISBN 978-4-7581-2272-6



新刊

実験医学別冊

正しい結果を得るための

イメージング& 画像解析 実践テキスト

あなたの目的にあった顕微鏡の選択と撮像、
定量解析フローの組み立て

小山宏史、加藤 輝、亀井保博/編

■定価 6,600円(本体 6,000円+税10%)
■B5判 ■267頁
■ISBN 978-4-7581-2271-9



新刊

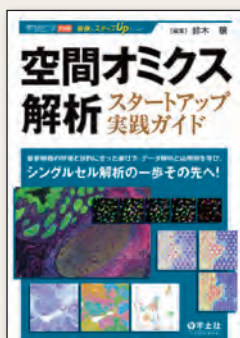
実験医学別冊 最強のステップUPシリーズ

空間オミクス解析 スタートアップ実践ガイド

最新機器の特徴と目的に合った選び方、
データ解析と応用例を学び、
シングルセル解析の一步その先へ!

鈴木 稯/編

■定価 8,580円(本体 7,800円+税10%)
■B5判 ■244頁
■ISBN 978-4-7581-2261-0



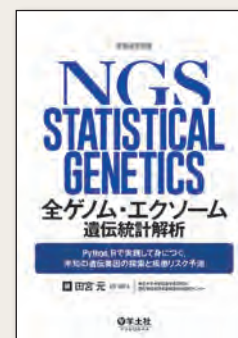
実験医学別冊

全ゲノム・ エクソーム 遺伝統計解析

Python、Rで実践して身につく、
未知の遺伝要因の探索と疾患リスク予測

田宮 元/編

■定価 7,920円(本体 7,200円+税10%)
■B5判 ■268頁
■ISBN 978-4-7581-2266-5



発 行 羊土社
YODOSHA

〒101-0052 東京都千代田区神田小川町2-5-1 TEL 03(5282)1211 FAX 03(5282)1212
E-mail: eigyo@yodosha.co.jp
URL: www.yodosha.co.jp

ご注文は最寄りの書店、または小社営業部まで



シングルセル 遺伝子発現

Flex

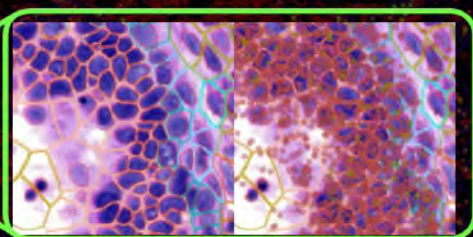
Flex: ホルマリン固定した組織や細胞のmRNAを
プローブを用いて検出し、遺伝子発現解析をシン
グルセルレベルで実施するアプリケーションです

- ◆ 解析が難しかった凍結組織やFFPE
ブロックからシングルセル解析が可能
- ◆ 細胞・組織を固定することで、解析したい
タイミングを逃さない！
- ◆ Multiplex解析で検体あたりの費用を抑
えつつ、多検体解析に対応
- ◆ より高感度な遺伝子検出

Xenium In Situ



乳がんFFPE
解析例

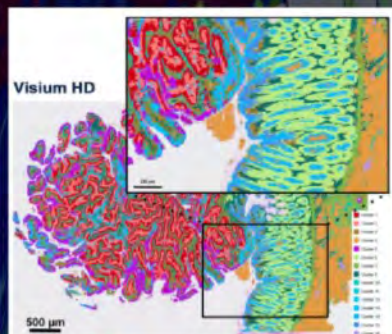
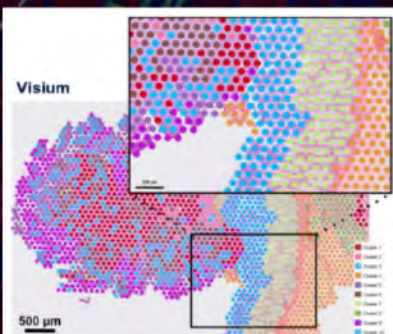


核と細胞境界

検出遺伝子

- ◆ 超高解像度な空間的遺伝子発現解析
細胞内の遺伝子発現を可視化
- ◆ シングルセル解析と同等の検出感度で
数百遺伝子の multiplex in situ
hybridizationを実現
- ◆ Visiumスライド約5枚分*の貼り付け面積
*Visium 6.5mmスライドとの比較。Xeniumス
ライド1枚あたり

- ◆ 対応スライドグラスが増え使い勝手が向上
松浪硝子工業株式会社のプラチナプロコートス
ライドグラスにも対応しました。



Visium HD

空間的遺伝子発現解析の業界標準である
Visium (10x Genomics社)の空間解像度がシン
グルセルスケールまで圧倒的進化。空間上の
全トランスクリプトーム発現をより詳細に解
析できるようになりました。



NGS library prep?
We've got you covered.

貴重なサンプル、難しいサンプルでも確実にライブラリー調製 信頼と実績の NEBNext[®] で次世代シーケンス

NEB[®] は 13 年以上に渡って次世代シーケンス用ライブラリー調製の試薬とキットを提供し続けています。さらに微量や分解サンプルからも確実に高品質なライブラリーを調製できる技術とワークフローを開発しており、今では 29,000 報以上の査読付き論文に採用されています。

- **NEBNext Ultra II DNA kits** : ゲノムはもちろん PCR アンプリコンや ChIP-DNA、FFPE-DNA に対応、断片機器は不要
- **NEBNext Ultra II RNA kits** : ヒト・マウスはもちろん、その他様々な生物のトランスクリプトーム解析が可能、RIN < 2 の分解 RNA にも対応。免疫レパトア用キットも提供
- **NEBNext kits for Special Application** : 新型コロナウイルスの全ゲノム解析、メチローム解析やマイクロバイオーム解析、Small RNA 解析や免疫レパトア解析など、特別な解析に対応
- **NEBNext Index Primers** : 最大 480 プレックスが可能、サンプル数に応じて無駄なく購入

サンプル配布中

www.neb.com/re/NEBNEXT



50
YEARS

ニュー・イングランド・バイオラボ・ジャパン株式会社

〒130-0022 東京都墨田区江東橋 2-2-3 倉持ビル第 2

カスタマーサービス TEL : 03-4545-1421

FAX : 03-5669-6194

テクニカルサポート TEL : 03-4545-1420

Email : tech.jp@neb.com

ウェブサイト : www.neb.com

202406_NEBNext_AD_4c-V1.0-0/00

RAISING法：国立感染症研究所との共同研究により開発した、外来DNAの挿入位置の決定手法 Rapid Amplification of Integration Site without Interference by Genomic DNA contamination

ホストゲノムへ挿入された外来 DNA の位置を決定するための方法です。未知の挿入位置が複数存在しても検出可能です。ウイルスゲノム / ベクター挿入部位や融合遺伝子の検索、従来の手法と比較し、短時間・簡便・高感度・低コストの解析を実現しています。目的やターゲットによって、NGS プランとサンガーシーケンスプランをご選択いただけます。

① ssDNA synthesis

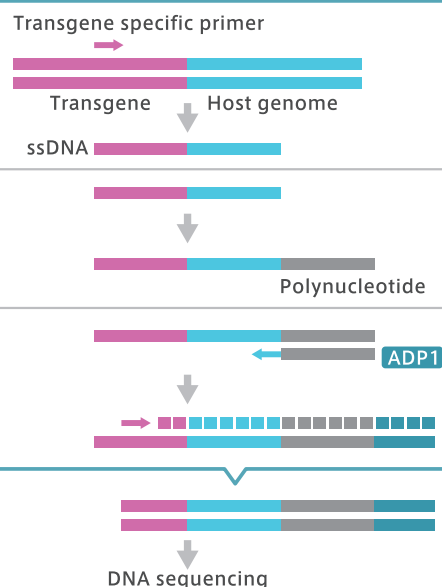
外来DNA特異的なプライマーを設計し、一本鎖DNAを合成

② Polynucleotide tailing

3' 末端にPolynucleotideを付加

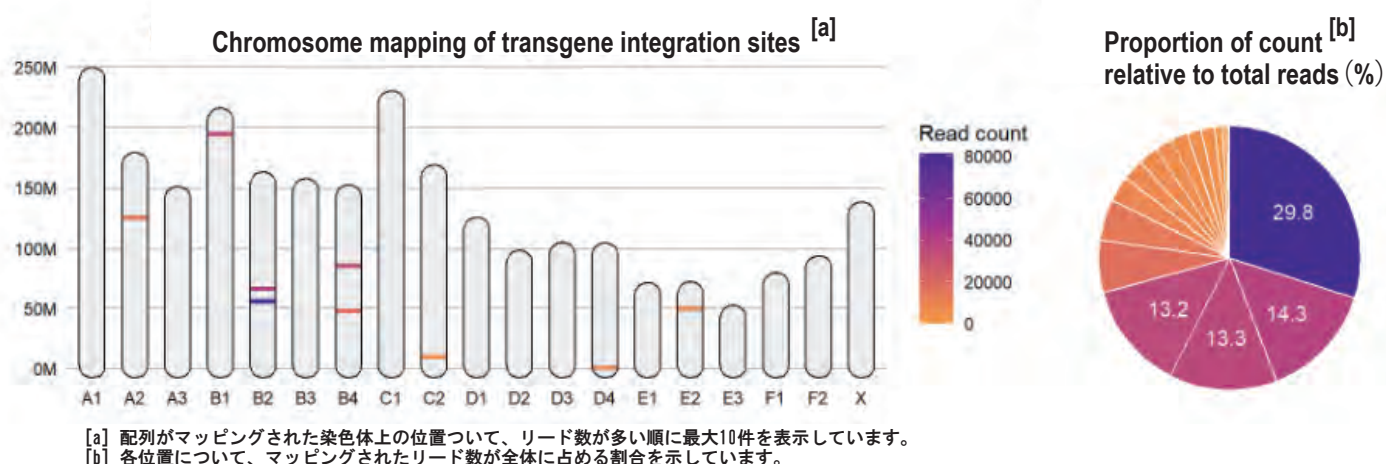
③ dsDNA synthesis

外来DNA特異的なプライマーとアダプターを付加したdTプライマーにて二本鎖DNAを合成



解析事例

NGSプランをご利用いただく場合の納品例



レトロウイルスに感染したネコ培養細胞を対象としたRAISING解析。ウイルス特異的なプライマーで調製をおこない、次世代シーケンサーで解析することで、複数サイトへの挿入も同時に検出&割合を可視化することが可能です。



お見積り・お問い合わせはこちら ▶ Mail ngs@fasmac.co.jp

〒243-0021 神奈川県厚木市岡田3088 ケーオービルA棟4階
株式会社ファスマック バイオ研究支援事業部 次世代シーケンス解析グループ

池田理化は「理化学総合商社」として
これからも、先端科学の研究を支え続けます



研究活動の最前線で
未来づくりをサポートします。

We support the creation of the future at the
forefront of research activities.

<https://www.ikedarika.co.jp/>



株式会社 池田理化

本 社 〒101-0044 東京都千代田区鍛冶町1-8-6 神田KSビル
TEL:03-5256-1811 FAX:03-5256-1818

札幌支店 TEL:011-208-2822
仙台支店 TEL:022-217-7037
つくば支店 TEL:029-836-6611
宇都宮支店 TEL:028-610-3722
埼玉支店 TEL:049-245-7831
千葉支店 TEL:043-290-4055
八王子支店 TEL:042-642-0570
小金井支店 TEL:0422-39-5441
横浜支店 TEL:045-983-0491

鶴見支店 TEL:045-501-5881
平塚支店 TEL:0463-37-4711
藤沢支店 TEL:0466-54-0300
三島支店 TEL:055-975-0975
藤枝支店 TEL:054-644-5551
名古屋支店 TEL:052-249-8350
大阪支店 TEL:06-6136-1255
岩国支店 TEL:0827-21-6701

あなたの研究を
お手伝いします！

リニューアルで
さらに使いやすく
なりました！

研究機器 オンライン



ワケン

受託 オンライン



HPトップバナーから
簡単アクセス！

キーワードの
絞り込みが
出来ます！

比較表を
設置しました！

充実の
製品情報。
随時、追加・更新を
行っております！

気になる
ワードで検索！



特徴

研究用途に合わせた検索もラクラク！

予算申請の金額に合わせた検索もラクラク！

予算申請に便利 指定範囲の金額で検索が可能に！

あのメーカーの製品を フリーワード検索やメーカーの
絞り込み検索も可能！

特徴

遺伝子発現解析や抗体作製から
病理標本作製まで幅広い受託サービスを掲載！

研究用途から 遺伝子工学、シーケンス解析、
受託サービス検索 タンパク質工学などのカテゴリ検索！

キャンペーン情報の確認も可能

あのメーカーの 受託サービスを フリーワード検索やメーカーの
絞り込み検索も可能！



和研薬株式会社
WAKENYAKU CO., LTD.

和研薬の 研究機器オンライン 受託オンライン は、

PC、スマートフォンやタブレット端末からアクセス！

WEBサイト随時更新中 /
<https://www.wakenyaku.co.jp>



和研薬ホームページ

