

Abstracts

NGS EXPO 2025



奈良県コンベンションセンター

2025年10月29日-30日

NGS EXPO実行委員会

大阪大学微生物病研究所付属バイオインフォマティクスセンター

NGS EXPO 2025 要旨集

奈良県コンベンションセンター

2025 年 10 月 29 日~30 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	8
一般講演	19
協賛企業セミナー	22
ポスターセッション	33
協賛企業広告	100

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。

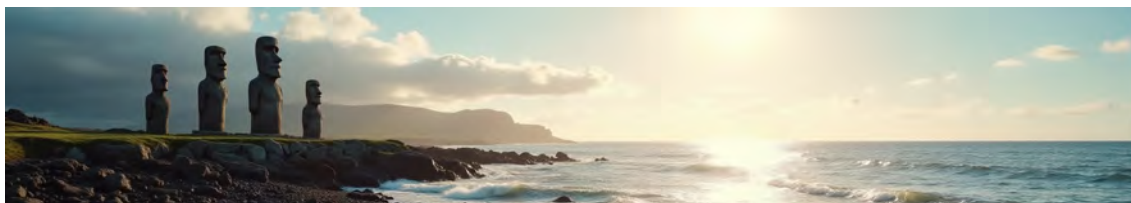
本会は通常の学会と赴きを変えて、技術面にウエイトを置き、新技術の紹介やノウハウの共有を主目的としております。これから NGS を始められる方、現在使っているがより良い手法を探している方に有益な情報を提供できるよう、技術セミナーや協賛企業セミナーに力をいれております。肩肘張らず気楽に楽しめる会を目指しております。

今年も「ブース訪問スタンプラリー」を企画しました。賛否両論ありましたが、"楽しい"という意見を多数いただきまして今後も継続していくことにいたしました。さらなる改善のため最後のアンケートもお願い出来ればと思います。

2 日間という短い時間に、細菌から鳥類、魚類、AI、情報、サラブレッドなど様々な分野のユニークな話題が盛り込まれております。

ゆっくりと楽しんでいただけたらと思います。

NGS EXPO 大会長
大阪大学医学系研究科
大倉永也



プログラム

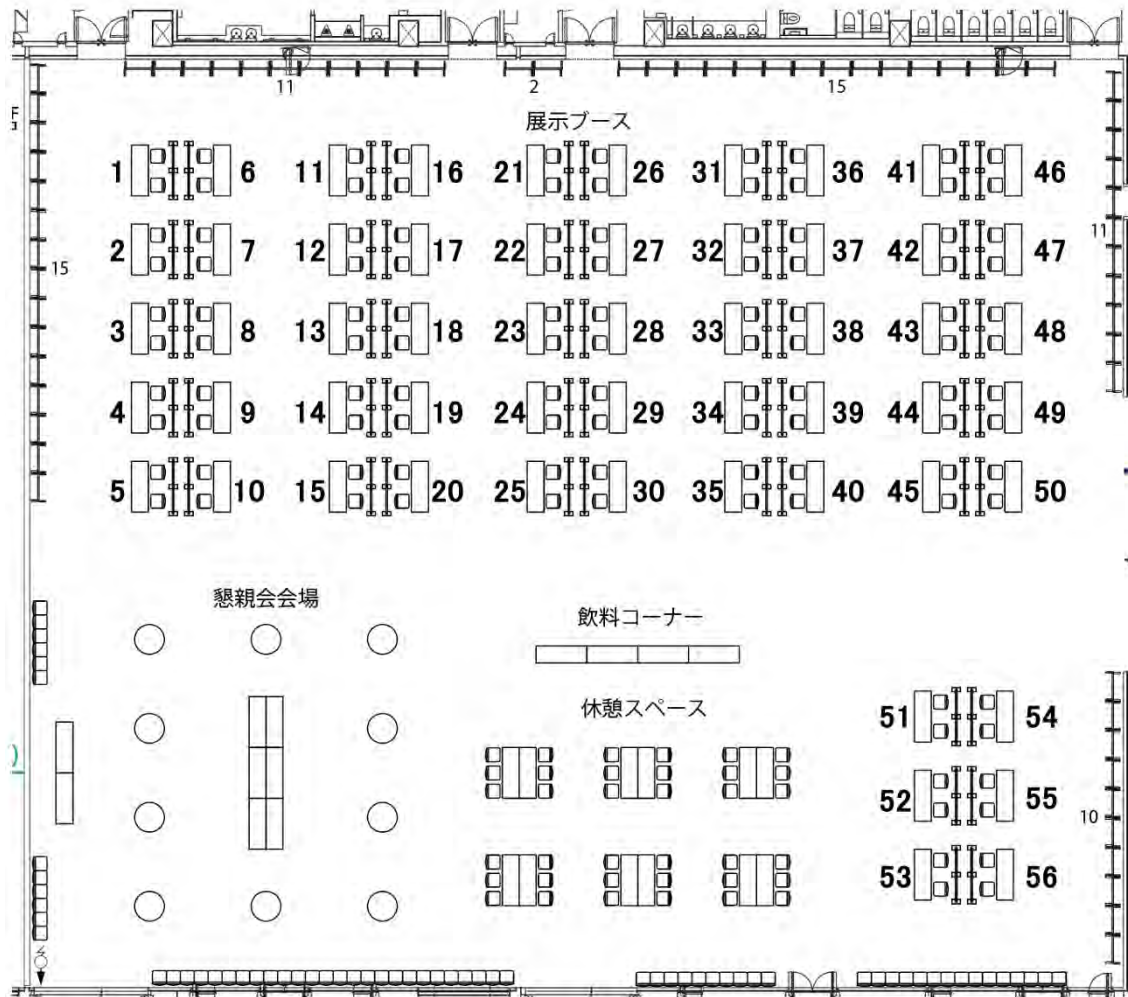
NGS EXPO 2025 第一日目 (10月29日)				
時刻	プログラム	座長	時間	講演者
9:00	9:20 開会挨拶			
	9:25 招待講演 1	小口 綾貴子	9:25-9:40	林 哲太郎 (理化学研究所)
			9:40-9:55	大石 裕晃 (九州大学)
			9:55-10:10	鈴木 海 (東京大学)
10:00	10:10 協賛企業セッション 1	奥崎 大介	10:10-10:30	トミーデジタルバイオロジー株式会社
			10:30-10:40	株式会社スクラム
	10:40 ブース訪問 (25分)			
	11:00	11:05 招待講演 2	尾崎 遼	11:05-11:20
11:20-11:35				瀬尾 茂人 (大阪大学)
11:35 協賛企業セッション 2		元岡 大祐	11:35-11:55	ミルテニーバイオテック株式会社
			11:55-12:15	バイオストリーム株式会社
12:00	12:15 休憩 (10分)			
	12:25 ランチョンセミナー 1	後藤 直久	12:25-12:45	株式会社ジーンベイ
			12:45-13:05	アジレント・テクノロジー株式会社
	13:00	13:05 休憩 (15分)		
13:20 特別講演		大倉 永也	13:20-13:40	金谷 啓之 (東京大学)
13:40 ノーベル賞祝賀講演			13:40-14:00	大倉 永也 (大阪大学)
14:00		14:00 協賛企業セッション 3	中村 昇太	14:00-14:20
			14:20-14:30	株式会社プロテインテック・ジャパン
	14:30 ブース訪問 (25分)			
	15:00	14:55 一般講演 1	小口 綾貴子 瀬尾 茂人	14:55-15:05
15:05-15:15				P19 内田 安則 (国立医薬品食品衛生研究所)
15:15-15:25				P33 西辻 光希 (福井県立大学)
15:25-15:35				P47 Alexis VANDENBON (京都大学)
15:35-15:45				P55 天海 花菜 (東邦大学)
15:45-15:55		P61 鈴木 孝一朗 (大阪大学)		
16:00	15:55 休憩 (10分)			
	16:05 招待講演 3	尾崎 遼	16:05-16:20	神元 健児 (大阪大学)
			16:20-16:35	矢野 文子 (昭和医科大学)
			16:35-16:50	片桐 美香子 (東京大学)
17:00	16:50 協賛企業セッション 4	奥崎 大介	16:50-17:10	セルシグナリングテクノロジー・ジャパン株式会社
			17:10-17:20	ベックマン・コールター株式会社
			17:20-17:30	東洋紡株式会社
	18:00	17:30 ポスターセッション (奇数番号) & ブース訪問 ※全講演者・座長の集合写真撮影あり (於:講演会場)		
18:25 意見交換会				
19:00				
20:00				

NGS EXPO 2025 第二日目 (10月30日)				
時刻	プログラム	座長	時間	講演者
9:00	9:00 招待講演 4	村上 真理	9:00-9:15	山崎 将太郎 (大阪大学)
			9:15-9:30	後藤 直久 (大阪大学)
	9:30 協賛企業セッション 5	山崎 将太郎	9:30-9:50	株式会社オックスフォード・ナノボアテクノロジーズ
			9:50-10:00	バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
10:00	10:00 ブース訪問 (25分)			
	10:25 一般講演 2	梶下 紘貴 Diego Diez	10:25-10:35	P06 宮田 憲一 (公益財団法人がん研究会)
10:35-10:45			P24 白澤 健太 (かずさDNA研究所)	
10:45-10:55			P28 尾鶴 亮 (福岡大学)	
10:55-11:05			P36 佐藤 悠 (京都大学野生動物研究センター)	
11:05-11:15			P48 人見 花帆 (大阪大学)	
11:15-11:25			P56 滝沢 直己 (微生物化学研究所)	
11:00	11:25 協賛企業セッション 6	元岡 大祐	11:25-11:45	イルミナ株式会社
			11:45-11:55	住商ファーマインターナショナル株式会社
			11:55 休憩 (10分)	
12:00	12:05 ランcheonセミナー 2	村上 真理	12:05-12:25	GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社)
			12:25-12:45	日本ベクトン・ディッキンソン株式会社
	12:45 休憩 (15分)			
	13:00	13:00 基調講演	大倉 永也	13:00-13:30
13:30 協賛企業セッション 7		Diego Diez	13:30-13:50	タカラバイオ株式会社
14:00	13:50 ポスターセッション (偶数番号) & ブース訪問			
15:00	14:50 招待講演 5	後藤 直久	14:50-15:05	元岡 大祐 (大阪大学)
	15:20 招待講演 6	山崎 将太郎	15:05-15:20	梶下 紘貴 (東京大学)
			15:20-15:35	浦山 俊一 (筑波大学)
			15:35-15:50	中村 保一 (国立遺伝学研究所)
15:50-16:05			小口 綾貴子 (理化学研究所)	
16:00			16:05-16:20	吉富 啓之 (京都大学)
			16:20 ベストプレゼンテーション賞表彰	
			16:25 閉会挨拶	
17:00				

出展企業・展示ブース番号一覧 ※敬称略

- | | |
|-----------------------------------|---|
| 01 Yourgene Health | 29 イルミナ株式会社 |
| 02 Patsnap | 30 アジレント・テクノロジー株式会社 |
| 03 株式会社レビティジャパン | 31 株式会社プロテインテック・ジャパン |
| 04 HaploX JAPAN 株式会社 | 32 東洋紡株式会社 |
| 05 株式会社マクロジェン・ジャパン | 33 日本ジェネティクス株式会社 |
| 06 フィルジェン株式会社 | 34 ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社 |
| 07 メトラー・トレド株式会社 レイニン事業部 | 35 ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社 |
| 08 株式会社 Visualix | 36 Cytiva |
| 09 株式会社 Visualix | 37 ノボジーン株式会社 |
| 10 株式会社ナベ インターナショナル | 38 株式会社 HPC テック |
| 11 コスモ・バイオ株式会社 | 39 アメリエフ株式会社 |
| 12 FORMULATRIX | 40 ベックマン・コールター株式会社 |
| 13 プライムテック株式会社/ Vizgen | 41 BGI JAPAN 株式会社 |
| 14 プライムテック株式会社/ BioSkryb Genomics | 42 MGI Tech Japan 株式会社 |
| 15 株式会社スクラム | 43 株式会社東陽テクニカ |
| 16 ミルテニーバイオテック株式会社 | 44 ジェネシスヘルスケア株式会社 |
| 17 ミルテニーバイオテック株式会社 | 45 バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社 |
| 18 トミーデジタルバイオロジー株式会社 | 46 ナカライテスク株式会社 |
| 19 株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ | 47 NEC |
| 20 日本ベクトン・ディッキンソン株式会社 | 48 Longlight Technology Co., Ltd/アズワン株式会社 |
| 21 株式会社キアゲン | 49 GeneMind Biosciences |
| 22 株式会社キアゲン | 50 10x Genomics |
| 23 タカラバイオ株式会社 | 51 かずさ DNA 研究所・DNA Research |
| 24 バイオストリーム株式会社 | 52 沖縄科学技術大学院大学 |
| 25 GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社) | 53 株式会社羊土社 |
| 26 住商ファーマインターナショナル株式会社 | 54 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 |
| 27 株式会社ジーンベイ | 55 NGS 解析 お悩み相談室 (Dry) |
| 28 セルシグナリングテクノロジーズジャパン株式会社 | 56 NGS 解析 お悩み相談室 (Wet) |

展示ブースレイアウト



招待講演

第1日目 (10月29日)		
時間	プログラム	講演者 (敬称略)
9:25-10:10	招待講演 1 IL1	林 哲太郎 (理化学研究所) 大石 裕晃 (九州大学) 鈴木 海 (東京大学)
11:05-11:35	招待講演 2 IL2	岡田 寛之 (東京大学) 瀬尾 茂人 (大阪大学)
13:20-13:40	特別講演 SL1	金谷 啓之 (東京大学)
13:40-14:00	ノーベル賞祝賀講演	大倉 永也 (大阪大学)
16:05-16:50	招待講演 3 IL3	神元 健児 (大阪大学) 矢野 文子 (昭和医科大学) 片桐 美香子 (東京大学)

第2日目 (10月30日)		
時間	プログラム	講演者 (敬称略)
9:00-9:30	招待講演 4 IL4	山崎 将太郎 (大阪大学) 後藤 直久 (大阪大学)
13:00-13:30	基調講演 KL	笹川 洋平 (東京科学大学)
14:50-15:20	招待講演5 IL5	元岡 大祐 (大阪大学) 梶下 紘貴 (東京大学)
15:20-16:20	招待講演6 IL6	浦山 俊一 (筑波大学) 中村 保一 (国立遺伝学研究所) 小口 綾貴子 (理化学研究所) 吉富 啓之 (京都大学)

基調講演

1 細胞 RNA シーケンス法の進化と未来：技術開発の視点から

笹川 洋平（東京科学大学 難治疾患研究所ゲノム機能情報分野）

1 細胞 RNA シーケンス法は、登場から約 16 年経過し、解析精度の向上・成熟化が進むことで、研究現場での実用性が大きく向上した。本講演では、この技術の発展を振り返り、特に解析の精緻化をもたらした重要な実験技術や残された課題について解説する。また、研究現場では、short-read シーケンサーによる遺伝子レベルの解析が主流である一方、long-read シーケンサーのデータ出力量の劇的な改善により、isoform レベルの定量解析が現実的な選択肢となりつつある。これらの技術の進展と今後の課題について、我々の技術開発の経験を交えながら論じる。

特別講演

睡眠と麻酔の分子生物学

金谷 啓之 (東京大学大学院 医学系研究科)

睡眠は、ショウジョウバエや線虫などの動物でも観察される進化的に保存された現象です。近年の研究で、中枢神経系を持たないクラゲやヒドラも、睡眠様状態を示すことが分かっています。我々は、ヒドラとショウジョウバエの間で共通する睡眠の分子メカニズムを明らかにしてきました。睡眠と関連する現象には、麻酔があります。吸入麻酔薬は全身麻酔に広く用いられますが、分子メカニズム（標的）は未だ完全に明らかではありません。睡眠と麻酔の分子メカニズムの 解明に向けた最新の知見を紹介します。

坂口志文先生のノーベル賞受賞を祝う講演

Treg の歴史と未来

大倉 永也 (大阪大学免疫学フロンティア研究センター)

坂口志文先生のノーベル生理学・医学賞受賞をお祝いして、17 年間一緒に研究してまいりました大倉が、Treg の発見から現在に至るまでの歩み、ならびに Treg を用いた臨床応用の現状について、現場からのリアルな話をご紹介します。

坂口先生は 2015 年に「ノーベル賞への登竜門」とも称されるガードナー賞を受賞されてから 10 年を経て、このたびついにノーベル賞を受賞されました。心よりお祝い申し上げます。

招待講演 1： 新技術・新ツール

10月29日 (水) 9:25~10:10

座長：小口 綾貴子（理化学研究所）

1 細胞・1 塩基解像度で転写とゲノム構造変異を捉える

林 哲太郎（理化学研究所）

我々は、1 細胞全長トータル RNA シーケンス法である RamDA-seq 法（Hayashi, 2018）を大幅に改良し、転写方向情報を捉え、rRNA 由来リードの混入を最小限に抑えた Shin-RamDA-seq 法の開発に成功した。本手法を用いることで、薬剤誘導性 DNA 二本鎖切断を生じさせた慢性骨髄性白血病細胞株 K562 において、de novo 融合転写産物やゲノム切断点、マイクロホモロジーを 1 細胞かつ 1 塩基解像度で計測することに成功した。Shin-RamDA-seq 法は、高深度な 1 細胞 トランスクリプトーム解析だけでなく、転写を伴うゲノム構造変異をマルチモーダルに解析できる強力なツールとなり得るだろう。

連続蛍光イメージングを用いた空間マルチオミクス解析

大石 裕晃（九州大学 生体防御医学研究所）

連続蛍光イメージングに基づく空間マルチオミクス解析は、単一細胞レベルで複数のモダリティを空間的に解析できる強力な手法である。多能性維持に関与する Nanog 遺伝子は、細胞間で発現量が不均一であり、複数のエンハンサーによる転写制御を受けることが知られている。本発表では、空間マルチオミクス解析技術を用いて明らかにした Nanog 遺伝子の転写活性化に伴う制御因子群の空間的配置の変化について報告する。

細胞内染色を用いた細胞分離とトランスクリプトーム及びエピゲノム解析を可能にする 手法の開発と応用

鈴木 海（東京大学 薬学部分子生物学）

細胞の代表的な分離手法として、セルソーターを用いた FACS (Fluorescence-Activated Cell Sorting) が挙げられるが、細胞内のマーカートンパクを染色するには一般的に強い架橋剤を用いることから核酸の品質に影響を与え、次世代シーケンスを用いた解析に適さないケースが多い。また、FACS の際に転写因子を染色した場合、クロマチン免疫沈降 (ChIP) や CUT&RUN (Cleavage Under Target & Release Using Nuclease) のような抗体を利用する手法において、FACS に用いた抗体由来 のシグナルが検出されてしまう潜在的な恐れがある。

我々は複数の固定条件を比較することで、FACS での細胞内染色、NGS 解析の両方に適した架橋試薬を選定した。さらに、染色に用いた抗体が CUT&RUN に検出されうる可能性を排除するために抗体の分解処理の工程を加えることで従来の課題を克服し、これらの組み合わせによって組織の任意の細胞種に対してレポーター遺伝子の導入なしでの CUT&RUN 解析を実現した。また、本手法の応用例として大脳発生におけるニューロン分化過程の細胞種を細分化することで明らかになった分化に伴う エピゲノム状態の変遷を紹介する。

招待講演 2 : AI・ChatGPT

10月29日(水) 11:05~11:35

座長：尾崎 遼（理化学研究所）

新・3大生成AIで、あなたもバイオのA.R.E.使いに

岡田 寛之（東京大学 医学系研究科）

3大生成AI（GPT、Claude、Gemini）は、アップデートを重ね、その進化が止まりません。これらのAIモデルは、単純作業を効率化して研究者の労力（labor）を大幅に削減するだけでなく、創造的なアイデアや新たなアプローチを生み出す“creative challenge”にも寄り添ってくれます。講演では、岡山大学歯学部での生成AIワークショップをもとに、「いま何ができるか」「これから何ができそうか」を具体的な事例を通して紹介し、バイオインフォのA.R.E.使いになる方法をわかりやすくお伝えします。

（続）AI時代のデータ解析プログラミング

瀬尾 茂人（大阪大学 情報科学研究科）

昨年度に引き続き、生成AIを活用したデータ解析プログラミングの手法を紹介します。日進月歩で性能が向上していく生成AIの事例を取り上げ、それらを効果的に使いこなすためのポイントや、実際のバイオインフォマティクスでのデータ解析における利用例などを紹介します。ユーザとしてこれらの技術の進歩を日々実感していますので、NGS EXPO 2024 から約1年でどれだけ発展したか、驚きを共有したいと思います。

招待講演 3： エピゲノム・ヒト疾患

10月29日(水) 16:05~16:50

座長：尾崎 遼（理化学研究所）

エピゲノムシーケンスデータの AI による解読と活用

神元 健児（大阪大学 微生物病研究所）

近年様々なエピゲノム状態計測のための NGS 技術が発展している。その一方で様々なエピゲノム制御が織りなす生体の制御は複雑であり、その制御の文法を解読し、基礎生物学研究や疾患研究に利用することは容易ではない。我々は特にゲノムの大部分を占める非コード領域での制御に焦点を当て、その制御と塩基配列の関連性をコンピュータモデルとして再構築することで、生命工学や疾患治療に応用する新技術を開発することを目指して研究をおこなっている。本講演では近年開発しているエピゲノム NGS データの解読のための新規 AI 技術とその発生研究・細胞工学研究での活用を紹介する。

顎関節症を紐解く鍵：統合解析で明らかになること

矢野 文子（昭和医科大学）

空間トランスクリプトーム解析は、年々その技術が進化し普及が進む中で、シングルセルデータとの統合解析が注目されています。本発表では、顎関節症モデルマウスを用い、顎関節円板組織のシングルセルデータと Xenium in situ データを統合解析した事例をご紹介します。さらに、VisiumHD データとの比較も交え、最新の研究成果をお伝えします。

心臓疾患の空間オミクス解析

片桐 美香子（東京大学大学院 医学系研究科）

空間的オミクス解析は、細胞や分子の位置情報を保持したまま、遺伝子発現やタンパク質局在を解析することを可能にした。この技術により、隣接する細胞や遺伝子がどのようにクロストークを行い、シグナルを伝達し、連携して機能しているのかを理解するための重要な手がかりが得られる。心臓組織は、心筋細胞とその他の心筋細胞のサイズが大きく異なり、かつ複雑な構造を持つ。本講演では、このような心臓組織に対して空間的解析をどのように活用できるかについて紹介する。

招待講演 4：Dry 解析

10 月 30 日 (木) 9:00~9:30

座長：村上 真理（大阪大学）

Windows で始めるバイオインフォマティクス解析

山崎 将太郎（大阪大学 微生物病研究所）

一般的に、多くの人が馴染みのある OS は Windows であり、研究室では Windows PC しか利用できない場合も少なくない。本セッションでは、WSL2、Docker、Singularity といった技術を紹介し、バイオインフォマティクスにおける最初のハードルである各種ソフトウェアのインストールを中心に、Windows 環境でもデータ解析を行う方法を解説する。

NGS Dry 解析超入門：コマンドライン操作からプログラミングまで

後藤 直久（大阪大学 微生物病研究所）

NGS の Dry 解析を始めるために必要なコマンドライン操作や解析ツールの使い方の基礎を解説します。さらに、解析ツールを組み合わせたワークフローや、より複雑な解析を行うためのプログラミングの導入方法も紹介します。

招待講演 5： NGS 機器・空間解析

10月30日(木) 14:50~15:20

座長：後藤 直久 (大阪大学)

研究支援を通して見えるアプリケーション、プラットフォームの違い

元岡 大祐 (大阪大学 微生物病研究所)

本業界では、毎年のようにシーケンサー、関連プラットフォームやキットが改良・発売され続け、また解析できる項目も増え続けている。それぞれ一長一短があるが、1つずつ評価してから自らの研究に最適な方法を探すというやり方では、近年の研究スピードには追いつけない。我々は研究支援を行う立場上、積極的にベンチマーキングに取り組んでおり、本講演では特に初心者の方に向けてこれらの結果を共有したい。

核内における空間的ゲノム解析の最前線 ～原理やその意義、研究にどう取り入れるか？

梶下 紘貴 (東京大学 薬学系研究科)

ゲノム DNA は、我々の生命活動の根底をなす設計図であり、核内におけるゲノムの立体構造は線状な遺伝情報の概念を超えて、染色体間および染色体内の相互作用を介した遺伝子発現制御を行っている。遺伝子発現制御に関わる重要要素としてヒストン修飾や各種転写因子の局在なども挙げられるが、ヒストン修飾や各種転写因子の解析はリソース等の制約から非モデル生物においては実施が困難である。一方ゲノム DNA の 3 次元的な配置の解析である Hi-C、FISH など手法では非モデル生物においても実施可能であるという利点がある。近年では新たな空間的ゲノム解析手法が次々に開発され、ゲノム DNA の 3 次元的な空間配置に新たな知見が増えてきている。本発表では様々な種においても実施可能な、ゲノム DNA の空間的配置に焦点を当て、モデル生物の視点からゲノム DNA の空間的配置の意義や、様々な空間的ゲノム解析手法を紹介する。これらの解析手法の基本原則および実践的応用例について具体的に議論するとともに、研究への取り入れ方、直面する課題、さらには今後の展望について考察する。

招待講演 6： RNA・データベース

10月30日(木) 15:20~16:20

座長：山崎 将太郎（大阪大学）

2本鎖 RNA 全長解読とタンパク質立体構造予測で見出した RNA ウイルスの新界

浦山 俊一（筑波大学 生命環境系）

人類が単離した RNA ウイルス数は数千程度であるが、NGS により発見数はそこから3桁ほど増えた。この事実は、RNA ウイルス多様性は大体把握できたという印象を与えるが、果たして本当だろうか？ NGS のインプット及びデータ解析方法の工夫により、まだまだ我々の世界が拡張され得ることを示す一例を、紹介させていただきます。

ネコ・イヌゲノム高精度配列解読と塩基配列共有基盤としての DDBJ・INSDC

中村 保一（国立遺伝学研究所 情報研究系）

コンパニオンアニマルのゲノム医療の情報基盤としてのイエネコならびにイヌのゲノム解読の戦略と成果について紹介する。また、そうしたゲノム塩基配列データの共有と再利用を促進する DDBJ の活動、最も巨大なデータタイプとなった NGS データアーカイブである SRA、また INSDC の国際的拡張計画とその可能な将来像について考察する。

RNA の構造を捉える空間トランスクリプトーム技術の開発

小口 綾貴子（理化学研究所 生命医科学研究センター）

空間トランスクリプトームは、組織内の位置情報を保持したまま遺伝子発現を解析できる技術として近年注目を集めています。従来の多くの手法では、各位置ごとに RNA 分子の数をカウントする解析が主流でした。一方、当ラボでは次世代シーケンシング

(NGS) を基盤とし、遺伝子全長の配列情報を解析する技術を開発しています。この手法により、RNA 分子のカウントに加え、スプライシングイベント、1 塩基レベルの変異、アレルごとの発現量など、RNA の多様な情報を空間上で解析することができます。本講演では、NGS を基盤とする空間トランスクリプトーム技術ならではの特長とその解析手法について紹介し、今後の応用可能性について議論します。

マルチモーダルな解析を用いた細胞社会の解明 ―関節リウマチ滑膜でのとりくみ―

吉富 啓之（京都大学 医学研究科）

シングルセル RNA-seq 解析が身近になり、限られた臨床検体の解析から多様な細胞分画が病態に関連することが明らかになってきました。一方で組織の中で生じる細胞動態を明らかにすることは未だチャレンジングな課題です。私たちのグループがクロノタイプ解析、エピゲノム解析、空間的 RNA 解析などのマルチモーダルな解析を用いてとりくんでいる、関節リウマチ滑膜で線維芽細胞や免疫細胞が織りなす細胞社会の解明をご紹介します。

一般講演

【一般講演 1】 10/29 (水) 14:55~15:55		
番号	発表者名	タイトル
P03	三浦 史仁	1 本鎖 DNA リガーゼの同定とシーケンス解析への応用
P19	内田 安則	核酸医薬のハイブリ依存オプターゲット作用の評価における RNA-seq とマイクロアレイの比較
P33	西辻 光希	褐藻オキナワモズクを用いた地球温暖化に対応する新品種作出にむけたゲノム科学的アプローチ
P47	Alexis VANDENBON	DeepSpaceDB: an interactive spatial transcriptomics atlas spanning diverse tissues, conditions, and platforms
P55	天海 花菜	再利用・自家調製を活用した低コストで高感度な scRNA-seq 法・TAS-seq2 eco の開発
P61	鈴木 孝一郎	百日咳発作マウスモデルによる宿主・病原体応答の統合トランスクリプトーム解析と咳発作メカニズムの解明

【一般講演 2】 10/30 (木) 10:25~11:25		
番号	発表者名	タイトル
P06	宮田 憲一	エピゲノム異常が加速させる膀胱がん細胞不均一性創出機構の解析
P24	白澤 健太	被子植物の全ての目（もく）でのゲノム解読
P28	尾鶴 亮	ゲノムスケール代謝ネットワーク再構築による新しい細菌代謝研究
P36	佐藤 悠	島国の鳥類ゲノミクス：ニホンイヌワシの危機的状況
P48	人見 花帆	データ駆動型線形離散力学系による時系列シングルセルデータ解析
P56	滝沢 直己	網羅的 RNA-RNA 相互作用同定法 LIGR-seq によるインフルエンザウイルスゲノム分節集合の時空間的解析

一般講演 1

10/29 (水) 14:55~15:55

座長：小口 綾貴子（理化学研究所）・瀬尾 茂人（大阪大学）

P03: 1 本鎖 DNA リガーゼの同定とシーケンス解析への応用

三浦 史仁（東京大学 大学院新領域創成科学研究科）

P19: 核酸医薬のハイブリ依存オフターゲット作用の評価における RNA-seq とマイクロアレイの比較

内田 安則（国立医薬品食品衛生研究所 遺伝子医薬部）

P33: 褐藻オキナワモズクを用いた地球温暖化に対応する新品種作出にむけたゲノム科学的アプローチ

西辻 光希（福井県立大学 海洋生物資源学部）

P47: DeepSpaceDB: an interactive spatial transcriptomics atlas spanning diverse tissues, conditions, and platforms

Alexis VANDENBON (Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University)

P55: 再利用・自家調製を活用した低コストで高感度な scRNA-seq 法・TAS-seq2 eco の開発

天海 花菜（東邦大学 理学部生物分子科学科）

P61: 百日咳発作マウスモデルによる宿主・病原体応答の統合トランスクリプトーム解析と咳発作メカニズムの解明

鈴木 孝一郎（大阪大学 微生物病研究所）

※要旨はポスターセッションをご覧ください。番号はポスター番号となっております。

一般講演 2

10/30 (木) 10:25~11:25

座長：梶下 紘貴 (東京大学)・Diego Diez (大阪大学)

P06: エピゲノム異常が加速させる膵がん細胞不均一性創出機構の解析

宮田 憲一 (公益財団法人がん研究会 がん研究所)

P24: 被子植物の全ての目 (もく) でのゲノム解読

白澤 健太 (かずさ DNA 研究所)

P28: ゲノムスケール代謝ネットワーク再構築による新しい細菌代謝研究

尾鶴 亮 (福岡大学 医学部微生物・免疫学講座)

P36: 島国の鳥類ゲノミクス：ニホンイヌワシの危機的状況

佐藤 悠 (京都大学 野生動物研究センター)

P48: データ駆動型線形離散力学系による時系列シングルセルデータ解析

人見 花帆 (大阪大学 大学院医学系研究科)

P56: 網羅的 RNA-RNA 相互作用同定法 LIGR-seq によるインフルエンザウイルスゲノム分節集合の時空間的解析

滝沢 直己 (微生物化学研究所)

※要旨はポスターセッションをご覧ください。番号はポスター番号となっております。

協賛企業セミナー

第一日目（10月29日）		
協賛企業セッション 1 CS1	10:10-10:30	トミーデジタルバイオロジー株式会社
	10:30-10:40	株式会社スクラム
協賛企業セッション 2 CS2	11:35-11:55	ミルテニーバイオテック株式会社
	11:55-12:15	バイオストリーム株式会社
ランチョンセミナー 1 LS1	12:25-12:45	株式会社ジーンベイ
	12:45-13:05	アジレント・テクノロジー株式会社
協賛企業セッション 3 CS3	14:00-14:20	ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社
	14:20-14:30	株式会社プロテインテック・ジャパン
協賛企業セッション 4 CS4	16:50-17:10	セルシグナリングテクノロジー・ジャパン株式会社
	17:10-17:20	ベックマン・コールター株式会社
	17:20-17:30	東洋紡株式会社

第二日目（10月30日）		
協賛企業セッション 5 CS5	9:30-9:50	株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ*
	9:50-10:00	バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
協賛企業セッション 6 CS6	11:25-11:45	イルミナ株式会社
	11:45-11:55	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 2 LS2	12:05-12:25	GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社)
	12:25-12:45	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 CS7	13:30-13:50	タカラバイオ株式会社

【株式会社ジーンベイ】

より長く、ダイレクトに ～ナノポアシーケンスの最新事例～

上村 泰央

株式会社ジーンベイ

株式会社ジーンベイは、次世代シーケンス解析サービスプロバイダーとして、医療・製薬・食品・農学・環境といった多様な解析対象の次世代シーケンス解析を提供している。本セミナーでは、ナノポアシーケンスに焦点をあて、ウルトラロングリードシーケンスやダイレクト RNA シーケンスなど、最新アプリケーションの解析結果について紹介したい。

【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と次世代シーケンス関連製品のアップデート

生井 聡史

アジレント・テクノロジー株式会社 診断・ゲノミクス本部

特定のゲノム領域を効率的に濃縮し、目的のリードを高精度に取得できるターゲットエンリッチメント技術は、近年ロングリードシーケンシングやシングルセル解析など、先進的なアプリケーションへの応用も進んでいます。本セッションでは、ワークフローの改良によりパフォーマンスが向上した新製品 SureSelect Max や、cfDNA など微量サンプルからの DNA およびメチル化解析を可能にする Avida など、ターゲットエンリッチメント技術を中心としたアジレントの NGS 関連製品のアップデートをご紹介します。

【GENEWIZ™ (アゼンタ株式会社)】

【ユーザー講演】 卵巣の老化プロセスに現れる新規細胞集団の同定：Single-cell 解析からの発見

梅原 崇

広島大学 大学院統合生命科学研究科

ほ乳類において、加齢に伴う生殖機能の低下は自然の摂理である。特に、雌（女性）においては顕著であり、妊娠可能な年齢を限定するとともに不妊症の増加にも関与し、少子高齢化が進む現代社会における重要課題である。我々は雌の生殖器官・卵巣の老化プロセスの解明を目指し、卵巣間質組織に注目して解析を行ってきた。その結果、間質の変質が生殖機能低下に関与する可能性を見出したが、関与する細胞集団やその動態は未解明である。そこで本講演では、10x Genomics の Single-cell RNA-seq を用い、卵巣の老化プロセスにおける間質細胞集団の変化を解析した研究成果を紹介する。

【日本ベクトン・ディッキンソン株式会社】

初心者でも簡単！BD Cellismo™ Data Visualization Tool によるシングルセルデータ解析のご紹介

新原 光貴¹, 安田 剛¹, 高橋 堇¹

¹ 日本ベクトン・ディッキンソン株式会社

シングルセル解析では、遺伝子発現マトリクスをもとに細胞状態を明らかにする二次データ解析が重要となる。しかしこの解析には、高度なプログラミングスキルが求められ、初学者には敷居が高かった。こうした課題に対し、弊社では BD Cellismo™ Data Visualization Tool を開発し、誰でも直感的に二次解析を行える環境を提供する。本ソフトウェアは、国内だけでも 100 ダウンロード以上達成し、数多くの研究者に利用されている。本発表では実践的なデモ交えて、ツールの基本から応用まで、使用方法を説明する。

【トミーデジタルバイオロジー株式会社】

「scRNA-seq ライブラリ調製用キット」、「RNA 修飾検出試薬」と「scRNA-seq 及び Spatial Biology 解析ソフトウェア」等のご紹介

田中英夫

トミーデジタルバイオロジー株式会社

本セミナーでは、弊社が取り扱う NGS 関連製品の中から、以下の製品をご紹介します。

- ・ Singleron 社製キット：専用装置を必要とせずライブラリ調製が可能な scRNA-seq キット、全長 BCR/TCR キット、ならびに動的新生 RNA-Seq キット他。これらはシングルセル解析における柔軟性を向上させます。
- ・ AlidaBio 社 EpiPlex キット：RNA-seq 解析において、6mA および Inosine 修飾の検出を可能にする画期的なエピジェネティクス解析ツールです。
- ・ Pythia BioSciences 社 CDIAM Multi-Omics Studio：クラウド GUI ツールにより、定量化済み scRNA-seq データや Spatial Biology データの解析を直感的かつ効率的に実施可能です。

【株式会社スクラム/Element Biosciences】

1)大規模化するシングルセル解析 2)AVITI24 が提供する統合マルチオミクスおよび細胞形態プロファイリング

相良聡¹ 谷家貴之²

¹株式会社スクラム ²Element Biosciences

1) Parse Biosciences 社から販売されている Evercode WT は、細胞固定された最大 500 万細胞を対象としたシングルセル解析を 1 バッチで行い、アンビエント RNA やダブレットを効果的に抑えることができます。ヒト・マウスに限定されず固定細胞を解析できることから、経時的变化や臨床応用に適しています。本セッションでは 500 万細胞の解析事例を中心に Evercode の活用法について紹介します。

2) Element Biosciences が提供する AVITI24 は、これまでの常識を覆すマルチオミクス解析の実現と、驚異的な高精度ゲノム解析を両立しています。Teton Atlas™を用いた Direct In Sample Sequencing (DISS) により、豊富なマルチオミクスデータを解き放ちます。研究の加速、コスト削減、そして新たな発見への道を、このトータルソリューションが拓き、未来のサイエンスをあなたの手にもたらしめます。

【ミルテニーバイオテク株式会社】

多次元で行う空間生物学 ～ 3D と 2D の融合によるマルチプレックス解析

細谷 一義

ミルテニーバイオテク株式会社 営業部

空間生物学は組織内の細胞と分子の空間的構成を研究し、複雑な生物学的プロセスを深く理解する分野です。しかし、現在の方法では薄い切片からの情報取得となるため、分析は組織内の大まかに選択された領域に限定されます。今回ご紹介するのは、透明化した器官イメージングが可能なライトシート蛍光顕微鏡 UltraMicroscope Blaze™で取得した 3D 画像をガイドに、単一切片上で蛍光免疫染色、顕微鏡撮影と蛍光消去を自動で繰り返し、最大数百のタンパク質マーカーを検出できるマルチプレックスイメージャーMACSima System™で分析を行うワークフローです。複雑な器官の中から標的構造を特定し、細胞の多様性を分析します。単一サンプルから包括的な 3D コンテキストと詳細な 2D 空間コンテキストの両方を取得することで、空間生物学解析を最大限に活用します。

【バイオストリーム株式会社】

QuantumScale 技術を使用した装置不要、低コストかつハイスループットな scRNA-seq キット (ScaleBio 社)、および細胞表面タンパク質の網羅的な動的クラスター解析、相互作用解析を可能にする Proxiome Network Assay kit (Pixelgen 社) のご紹介

細野直哉

バイオストリーム株式会社、アプリケーションサイエンティスト

ScaleBio 社では Single-cell combinatorial indexing (sci)-RNA-seq 技術をベースに製品化を行い、特別な装置が不要で通常のプレートを使用して、多サンプルで数十万の細胞を低コストで解析できるキットの販売を進めてまいりました。この度マイクロウェルをベースにした QuantumScale プレートを開発し、プロトコルの簡素化とセルバーコード生成の効率化を実現し 8 万細胞から 4 百万細胞まで柔軟性高く対応できるキットをリリースしましたので、本セミナーで紹介をさせていただきます。

後半では、NGS ベースのシングルセルプロテオミクスの解析の製品で、155 種類の免疫関連細胞表面タンパク質に対して分子レベルでの 3D マッピングを行い、相対定量、動的クラスターの検出、タンパク質間の共局在、相互作用の推定できる Pixelgen 社の Proxiome Network Assay kit についてもご紹介をさせていただきます。

【ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社】

Roche SBX シークエンサーのトライアルレポート

鈴木 穰

東京大学大学院新領域創成科学研究科附属 生命データサイエンスセンター

Sequencing-based spatial gene expression analysis is a powerful tool but requires a high sequencing depth (1–5 billion reads are often needed). In our initial trial of the Roche SBX sequencer, we found Visium HD libraries with the SBX sequencer produced 15 billion reads for one library in just one hour. Also, the results were almost perfectly consistent with Illumina reads. We conducted that these results demonstrate that the SBX sequencer approach is a viable option.

【株式会社プロテインテック・ジャパン】

Intracellular CITE-seq で切り拓くシングルセルマルチオミクス解析の最前線

伊村 咲希

株式会社プロテインテック・ジャパン

細胞内タンパク質の検出は、シングルセル解析における大きな課題のひとつでした。本講演では、その課題を解決する新しい Intracellular CITE-seq 用試薬「MultiPro®（マルチプロ）抗体パネル」をご紹介します。本試薬により、従来は困難であった転写因子やリン酸化タンパク質を含む 340 種類の細胞内外タンパク質の発現を、scRNA-seq と同時に解析することが可能となります。多階層の情報を統合したシングルセルマルチオミクス解析を実現し、疾患の分子基盤解明に向けた新たな洞察・仮説をより迅速に切り拓くことができます。

【セルシグナリングテクノロジージャパン株式会社】

シングルセル解析技術で拓く難治性がんの早期診断・創薬研究

山岸 誠

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 感染症ゲノム腫瘍学分野

難治性がんの克服には、発症メカニズムの解明や新規治療法の開発に加え、精密診断と早期介入を実現するための確かなエビデンスの創出が不可欠である。シングルセル解析は、不均一な前がん細胞群の中から悪性形質を獲得した微小クローンを高感度に検出し、腫瘍免疫微小環境の特性も含めて臨床的価値へ結び付ける強力な手法である。私たちは、本邦で患者数の多い HTLV-1 関連疾患および悪性リンパ腫を対象に、シングルセル解析を中核とする統合オミクスを実装し、腫瘍細胞集団を単一細胞分解能で再構築するとともに、多段階発がん機構と創薬標的を同定してきた。これらの知見は first-in-class EZH1/2 阻害薬の創薬研究（Nature 2024 など）や疾患リスク評価へと発展している。本講演では、細胞内タンパク質と遺伝子発現を同時に解析する InTraSeq™を含む最新シングルセル技術の実装例を紹介し、基礎研究から創薬までの展望を示す。

【ベックマン・コールター株式会社】

NGS の「煩雑な処理」「品質低下」の課題解決しませんか？

NGS ワークフロー自動化実例

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

検体からの核酸抽出とライブラリ調製は、繊細かつマンパワーを必要とする上に、結果に直結するクリティカルな工程であることについて論を待たないでしょう。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、省力化、コストダウンを提案します。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、チップレスで nL スケール微量分注を可能にする Echo 525 による品質をキープしたままでの処理時間および消耗品コスト大幅削減などの弊社ソリューションが、皆様の研究や業務を加速できれば幸いです。

【東洋紡株式会社】

DNA ライブラリー調製の新たな選択肢！簡単・時短・低コストを新製品 GenNext® NGS Library Prep Kit -KODEasy™-で叶える

渡辺 聖実

東洋紡株式会社 バイオプロダクト営業部

東洋紡ではこの度、DNA-seq 用のライブラリー調製試薬「GenNext® NGS Library Prep Kit -KODEasy™-」を新発売しました。本キットは既存品に比べて操作性が大幅に改善され、2 時間以内でライブラリー調製が可能です。その他の特長も含めて、原理や実施例を交えながらご紹介いたします。発売後初のセミナーになりますので、ぜひお聞きいただければ幸いです。

【株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ】

ロングリード x エピゲノムで切り拓くマルチオミクスの新展開

大崎 研（オオサキ ケン）

株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ

ナノポアロングリードシーケンスは、分子レベルの情報を“同時かつ直接的”に読み解く解析プラットフォームとして進化を続けています。1 分子レベルでのリアルタイムシーケンスと超長鎖の連続性を武器に、ゲノム構造・エピジェネティクス・転写アイソフォームといった多層的な分子情報を一度に検出できるユニークな技術です。

本セッションでは、10月30日時点での最新情報に加えて、ナノポア独自の Adaptive Sampling (in silico ターゲットエンリッチメント) や Direct RNA Sequencing、シングルセルへの応用やメチレーションなどのアプリケーションから、面白そうなところを時間が許す範囲でご紹介します。

【バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社】

バルク・シングルセル RNA-Seq 用ライブラリ調製キットのご紹介

平野 光博¹

¹ バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社

本セミナーでは、バイオ・ラッドが提供するバルク RNA-Seq およびシングルセル RNA-Seq 用ライブラリ調製キットについて各製品の特長をご紹介します。バルク用の SEQuoia シリーズには、安価かつ短時間（約 3 時間）で調製可能な Express キットや、miRNA のような短鎖から長鎖 RNA を網羅的にキャプチャできる Complete キット、rRNA 除去用の RiboDepletion キットがあります。シングルセル用には、昨年末に 3' RNA-Seq 用のキット「ddSEQ™ Single-Cell 3' RNA-Seq kit」を販売を開始しました。

【イルミナ株式会社】

illumina イノベーションロードマップ

仲 健太

イルミナ株式会社・技術営業部

イルミナでは今年、マイクロフルイディクス装置を必要としない「Illumina Single Cell 3' RNA Prep」を発売しました。さらに今後、ライブラリー調製不要のロングレンジシーケンス、ゲノムとエピゲノム情報を同時に取得できる 5 base 技術、空間トランスクリプトミクスなど、マルチオミクス解析を推進する様々なテクノロジーの製品化が進められています。本発表では、これら次世代テクノロジーの概要についてご紹介します。

【住商ファーマインターナショナル株式会社】

空間トランスクリプトーム解析「STOmics」のご紹介 ～全遺伝子発現を細胞レベルで見る～

馬場 洋文

住商ファーマインターナショナル株式会社

空間トランスクリプトーム解析は、組織内の細胞が持つ遺伝子発現情報をその位置情報と紐づけて解析する技術で、細胞の不均一性や組織微小環境の解明に利用されています。近年、この分野において、STOmics Tech 社が開発した STOmics Stereo-seq (Spatial Enhanced Resolution Omics-sequencing)が注目を集めています。STOmics は、これまでの技術を凌駕するシングルセルレベルの解像度と広視野を両立し、更に全 RNA が検出対象であることから生物学研究に新たな知見をもたらしています。本発表では、この革新的な技術の最新情報について紹介します。

【タカラバイオ株式会社】

シングルセルデータを空間データに変換する革新的技術 Trekker のご紹介

浅井 雄一郎

タカラバイオ株式会社 遺伝子解析センター

昨今、注目されている空間トランスクリプトーム解析ですが、従来のシングルセル RNA-Seq データと比べると、細胞当たりの検出遺伝子数が少ない、セルセグメンテーションに頼らざるを得ない、ATAC-Seq や VDJ-Seq と組み合わせて解析できない、など、シングルセル RNA-Seq とのギャップを感じることはないでしょうか？シングルセルデータをそのまま空間情報にコンバートする革新的技術 Trekker についてご紹介します。本セミナーでは基本原理や解析例などについてご紹介致します。また、FFPE サンプルに対応可能な製品のテストデータなども紹介致します。

ポスターセッション

【ポスターセッション】 奇数：10/29（17：30～18：25） / 偶数：10/30（13：50～14：50）

※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	内田 有希	睡眠時無呼吸症候群モデルマウスにおける認知機能障害の分子基盤：海馬遺伝子発現の網羅的解析	
P02	樋口 千洋	次世代シーケンシング研究における AI エージェント活用の取り組み	
P03	三浦 史仁	1 本鎖 DNA リガーゼの同定とシーケンス解析への応用	○
P04	浅利 海優	Nanopore sequencing を用いた Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X) による DMD のエキソンスキッピングパターン解析手法の検討	
P05	安田 圭子	Regnase-1 ヘテロ欠損マウスは肺での好中球の性質変化を介して SARS-CoV-2 肺炎の重症化を抑制する	
P06	宮田 憲一	エピゲノム異常が加速させる膵がん細胞不均一性創出機構の解析	○
P07	根岸 宗一郎	ルブリシンの滑膜炎制御による顎関節恒常性維持機構	
P08	坂下 悼也	A Platform Solution for Viral Clearance Testing using NGS in Biologics Production	
P09	宇治 督	スジアラ Plectropomus leopardus における突然変異率の推定	
P10	野口 優	不明疾患における NGS を用いたメタゲノム解析の検討	
P11	北嶋 友人	PCR を用いたロングリードシーケンスにおける PCR 酵素の選択の重要性	
P12	仲 健太	イルミナが提案する新たなシングルセル RNA-Seq ソリューション	
P13	MD AL AMIN SHEIKH	Synchrotron Imaging and Transcriptomics Analysis Reveal 3D Remodeling and Molecular Pathogenesis of Aortic Dissection in Fbn1 ^{G234D/G234D} Novel Mutant Mice	
P14	石毛 太郎	サラブレッド多型データベースの紹介とその解析例	
P15	松本 健太郎	アデニン投与マウス腎臓におけるシングルセル RNA-seq 解析	
P16	原田 知季	骨肉腫の 1 細胞および空間トランスクリプトームによる空間的ゲノム異質性と原因遺伝子探索	
P17	大谷 悠斗	トランスクリプトミクスとメタボロミクスによる髄膜腫の解析	

P18	矢野 実	長鎖トランスクリプトーム解析における副産物 DNA の可視化と特異的抑制	
P19	内田 安則	核酸医薬のハイブリ依存オプターゲット作用の評価における RNA-seq とマイクロアレイの比較	○
P20	竹内 大貴	Stereo-seq を用いた腫瘍内微小環境の解明	
P21	河村 聡太	2 本鎖 RNA を対象とする Viroid-Like RNA 探索手法の比較検討	
P22	平井 孝昌	ウイルス感染細胞の検出法としての次世代シーケンサーの性能評価	
P23	西澤 明人	ナノポアシーケンスのみを用いた T2T ゲノム構築技術の評価	
P24	白澤 健太	被子植物の全ての目（もく）でのゲノム解読	○
P25	船屋 智史	マウスクローン胚におけるリプログラミング異常への H3 バリエーションの関与	
P26	成島 悠太	T 細胞エンゲージャー誘発性サイトカイン放出症候群の制御機構解明に向けた T 細胞クロマチンアクセシビリティ解析	
P27	泉崎 謙介	睡眠時無呼吸症候群モデルマウスの腎炎症遺伝子変化に対する Nrf2 活性化薬フマル酸ジメチルの有効性検証	
P28	尾鶴 亮	ゲノムスケール代謝ネットワーク再構築による新しい細菌代謝研究	○
P29	出立 兼一	Oxford Nanopore シーケンスデータ解析の紹介	
P30	輿石 雄一	Bulk RNA-seq を基にした擬時間解析による、不活化ウイルス全粒子インフルエンザワクチンの臨床試験検体の評価	
P31	内山 誠	高 GC 含有領域選択的シーケンス法の研究	
P32	熊谷 真彦	TASUKE+ : 大規模ゲノム多型データや集団解析結果を可視化するゲノムブラウザ	
P33	西辻 光希	褐藻オキナワモズクを用いた地球温暖化に対応する新品種作出にむけたゲノム科学的アプローチ	○
P34	鍋島 圭	オガサワラオオコウモリ (Pteropus pselaphon) の全ゲノム解析と Pteropus 属オオコウモリの地理系統解析	
P35	相川 哲哉	領域四分木を用いた空間トランスクリプトーム解析手法	
P36	佐藤 悠	島国の鳥類ゲノミクス : ニホンイヌワシの危機的状況	○
P37	富樫 和也	TIP-ChIP: 少量サンプルに適したハイスループット ChIP-Seq 法	
P38	栗津 暁紀	非モデル系? NGS 解析: 猫培養細胞の由来個体の姿とウニ性決定因子の予測	
P39	川越 凜	シーケンスベースの空間トランスクリプトーム解析技術、Curioseeker および Nova-ST の導入	

P40	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	
P41	湯浅 太智	フックス角膜内皮ジストロフィと筋強直性ジストロフィ 1 型に対する網羅的 RNA-Seq 解析の比較	
P42	後藤 梨久都	KIT 膜貫通ドメイン近傍領域の選択的スプライシング制御機序とアイソフォーム発現特性	
P43	Afeefa ZAINAB	oCELLoc: Optimizing Reference Cell Types for Single-Cell and Spatial Transcriptomics	
P44	Vladyslav HONCHARUK	DeepSpaceDB 2.0: Challenges and solutions in collecting and unifying subcellular spatial transcriptomics data	
P45	Hsu Thinzar Maung	Evaluating HAC and SUP Basecalling Accuracy from Sheared DNA for Nanopore-Based Salmonella Typhi Surveillance in Resource-Limited Sentinel Hospitals	
P46	沼尾 太佑	フックス角膜内皮ジストロフィにおけるフェロトーシス関与の解明	
P47	Alexis VANDENBON	DeepSpaceDB: an interactive spatial transcriptomics atlas spanning diverse tissues, conditions, and platforms	○
P48	人見 花帆	データ駆動型線形離散力学系による時系列シングルセルデータ解析	○
P49	浅野 友香	精子形成不全マウスのエクソーム解析とジェノタイピングアッセイの構築	
P50	松岡 樹生	フックス角膜内皮ジストロフィにおける Circular RNA の関与の解明	
P51	新原 光貴	マイクロウェル型 BD Rhapsody™ システムによる CITE-seq の高品質化とコスト削減	
P52	渡邊 裕宣	慢性低酸素モデルマウスにおける腎臓の遺伝子発現と細胞組成の変動	
P53	丹下 正一郎	ショートリード NGS による変異解析に無謬性はあるか？	
P54	宇部 颯悟	高校生の探究活動から生まれたナノポアシーケンサーを用いた生物教育プログラム	
P55	天海 花菜	再利用・自家調製を活用した低コストで高感度な scRNA-seq 法・TAS-seq2 eco の開発	○
P56	滝沢 直己	網羅的 RNA-RNA 相互作用同定法 LIGR-seq によるインフルエンザウイルスゲノム分節集合の時空間的解析	○
P57	郷之丸 美沙子	ペーパーワークを過去にするシーケンスリクエスト DX のご紹介	
P58	Mahima Kumar	Carbon quantum dots for biomedical applications	
P59	川満 真由美	シーケンシングコアファシリティの NGS Tips あれこれ	

P60	山崎 将太郎	SPACELINK: 細胞間相互作用に基づく遺伝子発現解析のための空間トランスクリプトームツール	
P61	鈴木 孝一郎	百日咳発作マウスモデルによる宿主・病原体応答の統合トランスクリプトーム解析と咳発作メカニズムの解明	○
P62	新垣 奈々	磁性ビーズ精製のピペットチップを使わない自動化	
P63	萩原 柁	抗 CCR8 抗体による選択的な腫瘍内 Treg の除去は、活性化型 DC を介した抗腫瘍免疫応答を誘導する	
P64	西村 勇輝	Cell-Type deconvolution と多検体 RNA-seq を用いた維管束発生運命の動態解析	

睡眠時無呼吸症候群モデルマウスにおける認知機能障害の分子基盤：海馬遺伝子発現の網羅的解析

内田有希¹，見代健太^{1,2}，中野僚太³，上條翔太郎³，細沼雅弘⁴，山崎喜貴⁵，磯部晃⁴，
吉川輝⁶，石川文博⁷，鬼丸洋¹，泉崎雅彦¹

¹昭和医科大学医学部生理学講座生体調節機能学部門，²昭和医科大学藤が丘病院呼吸器内科，
³昭和医科大学大学院薬学研究科生理学分野，⁴昭和医科大学医学部薬理学講座医科薬理学部
門，⁵昭和医科大学薬学部基礎医療薬学講座毒物学部門，⁶昭和医科大学保健医療学部保健医
療学教育学，⁷昭和医科大学遺伝子組換え実験室

睡眠時無呼吸症候群の合併症として認知障害が知られているが、そのメカニズムは不明な点が多い。本研究では8週齢 C57BL/6J マウスを用い睡眠時無呼吸症候群モデル（IH：間欠的低酸素曝露）を作成し、認知機能と海馬領域の遺伝子発現変化を解析した。IH 群（酸素濃度 10-21%を2分間隔で変動、8時間/日）、持続的低酸素群（CH、10%酸素濃度、8時間/日）、対照群（21%酸素）の3群で28日間飼育後、行動試験と海馬 RNA-seq 解析を実施した。Y 字迷路試験では群間差を認めなかったが、受動回避試験において対照群、CH 群より IH 群で有意に認知機能が低下した。海馬において認知機能関連遺伝子 *Lars2* をはじめ、*Hmcn1*、*Vstm2l* 発現が対照群、CH 群より IH 群で低下した。以上の結果から、海馬領域におけるこれらの遺伝子発現低下が IH による認知機能障害に関与する可能性が示唆された。

次世代シーケンシング研究における AI エージェント活用の取り組み

樋口 千洋^{1,2}、入江美穂³、櫛田達矢⁴、山田涼太⁵

¹ 国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所

² 国立大学法人 東京科学大学

³ 異業種データサイエンス研究会

⁴ 国立研究開発法人 理化学研究所

⁵ Science Aid 株式会社

深層学習の目覚ましい発展により、AI は科学研究の領域で画期的な進化を遂げている。昨年、SakanaAI 社は、仮説構築、実験計画・実行、データ分析、そして新知見の発見といった科学研究プロセス全体を自動化・加速させる AI エージェントである AI サイエнтиストを発表した。最近では FutureHouse も同様の AI サイエнтиスト(Robin)を開発し、新薬候補の発見に成功したと発表しており、その研究への応用が大きな注目を集めている。一方で、ヒト試料や腸内細菌を用いた研究では、多くの研究機関が倫理的な理由からインターネットから隔離された環境でのデータ解析を義務付けている。そのため AI サイエнтиストはオンプレミスでの稼働が求められる。現在、大規模言語モデル(LLM)として Qwen3(Alibaba)、Gemma3n(Google)、そして Deepseek-R1(Deepseek)といったモデルが実用的な応答速度を有することが確認されている。

AI エージェントに関しても、MCP というフレームワークを用いることで、情報検索、データ取得、データ解析のインターフェースを共通化できる。さらに、OpenHands や PaperQA2 といった優れた AI エージェント向けフレームワークも公開されており、既存の RNA-seq マッピング・解析ソフトウェアも閉鎖環境に構築することが現実的になりつつある。

本発表では、現在の RNA-seq に特化した AI サイエнтиストの取り組み状況と、本システムの構築が研究にもたらす具体的な効果について議論したい。

1 本鎖 DNA リガーゼの同定とシーケンス解析への応用

三浦 史仁¹、柴田由希子¹、三浦美希¹、稲富和音²、鈴木穰¹、伊藤隆司²

¹東京大学大学院新領域創成科学研究科, ²九州大学大学院医学研究院

一本鎖 DNA (ssDNA) ライゲーション活性を持つ酵素には様々な応用が想定できる。しかし、これまでにそのような酵素は同定されてこなかった。我々は既存酵素の中でもっとも活性が高いことが知られていた TS2126 RNA リガーゼに対して相同なタンパク質をデータベース中から抽出し、その中から高い ssDNA ライゲーション活性を持つ酵素を同定した。Thermus ファージ phiLo (GenBank: AYJ73970)あるいは Tph ssDNA リガーゼ(SDL)は、TS2126 RNA リガーゼよりも高い ssDNA ライゲーション活性を示した。これまでに DNA メチローム解析をはじめ、血中セルフリーDNA、古代人ゲノム、岡崎フラグメントの検出感度は SDL を利用することで劇的に向上することがわかっている。このほかにも、FFPE 切片由来 DNA、環境 DNA、ウイルスゲノム、アプタマースクリーニングなど、SDL を利用することでより効率的な分析が可能になることが想定されるアプリケーションは多岐にわたる。本発表ではこの酵素の特性やその応用について議論したい。

Nanopore sequencing を用いた Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X) による DMDのエキソンスキッピングパターン解析手法の検討

浅利 海優¹, 赤松 理恵¹, 河岡 明義¹, 齊藤 葉由奈¹, 川口 晃平¹, 城所 聡¹,
和田 直樹², 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹

¹東京科学大・生命理工, ²徳島大院・社会産業理工

当研究グループ独自の高効率ゲノム編集技術である Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X) は、両方向の長鎖欠失を誘導することや CRISPR-Cas9 (20 nt) より長い標的配列 (35-36 nt) をもつことで高い標的特異性を示す特徴をもつ。我々は、TiD-X によるデュシェンヌ型筋ジストロフィー (DMD) のエキソンスキッピング療法の構築を進めている。DMD の遺伝子治療の一つであるエキソンスキッピングは、変異エキソン近傍を削除しインフレーム変異により機能型のジストロフィンを生成する。本研究では、独自に開発した長鎖欠失検出ツールである YoDEL を用いて TiD-X が誘導するエキソンスキッピングパターンの Nanopore sequencing データを解析した。今後は、TiD-X ゲノム編集による効率的なエキソンスキッピング療法を構築し、安全性の高い治療薬の実用化に向けた研究を進めていく。

***Regnase-1* ヘテロ欠損マウスは肺での好中球の性質変化を介して SARS-CoV-2 肺炎の重症化を抑制する**

安田圭子^{1,2}, 青木惇一², 田中洸太郎², 七戸新太郎³, 小野慎子^{4,5,6}, Alexis Vandenberg⁷, 小原乃也⁸, 元岡大祐⁹, 渡邊仁美⁸, 廣田圭司⁸, 近藤玄⁸, 池原譲¹⁰, 渡辺登喜子^{3,5,6}, 松浦善治^{4,5,6}, 竹内理²

¹ 名古屋市立大学大学院医学研究科免疫学, ² 京都大学大学院医学研究科医化学分野, ³ 大阪大学微生物病研究所分子ウイルス分野, ⁴ 大阪大学微生物病研究所ウイルス制御学, ⁵ 大阪大学感染症総合教育研究拠点, ⁶ 大阪大学ワクチン開発拠点, ⁷ 京都大学医生物学研究所組織恒常性システム分野, ⁸ 京都大学医生物学研究所統合生体プロセス分野, ⁹ 大阪大学微生物病研究所バイオインフォマティクスセンターゲノム解析室, ¹⁰ 千葉大学大学院医学研究院腫瘍病理学

Regnase-1 (*Reg1*) は RNase 活性を持ち、炎症性サイトカインを転写後制御することで過剰な炎症を抑制するが、ウイルス感染時の生体での役割は全く分かっていない。強い炎症性サイトカイン産生を惹起し重症化するのではないかと予想に反し *Reg1*^{+/-}-マウスは野生型マウスが致死的となる重症(3MLD₅₀)マウス適応型 SARS-CoV-2 MA10 感染モデルにおいて肺炎が軽症で、全例生存するのみならず体重回復傾向を示した。軽症モデル(0.3MLD₅₀)において *Reg1*^{+/-}-マウスが肺炎の軽症化に好中球浸潤増加を伴ったこと、好中球を枯渇させたところ *Reg1*^{+/-}-マウスも野生型と同様に重症化したことから *Reg1*^{+/-}-好中球が肺炎を軽症化する可能性が示唆された。SARS-CoV-2 MA10 感染肺の免疫細胞を用いた single-cell RNA sequencing 解析により、4つの異なる好中球サブセットが同定され、そのうちインターフェロン刺激遺伝子(ISG) signature を示すサブセットが *Reg1*^{+/-}-マウスで減少していた。また、*Reg1*^{+/-}-好中球では炎症性遺伝子発現の変化を伴わずに ISG 発現が低下していることが明らかになった。さらに *Reg1* はインターフェロン応答の負の調節に関与する遺伝子 *Tsc22d3* の発現を、3'非翻訳領域を介する転写後制御により抑制することが分かった。これらの結果から、*Reg1*^{+/-}-マウスは、好中球における過剰なインターフェロン応答を制御することで、SARS-CoV-2 肺炎の重症化を抑制すると考えられた。

エピゲノム異常が加速させる膀胱がん細胞不均一性創出機構の解析

宮田 憲一^{1,2}、楊 雨瀟¹、柴田 智華子¹、古川 貴光¹、劉 宇航¹、采女 優太¹、
桑川 昂平²、丸山 玲緒^{1,2}

¹ 公益財団法人がん研究会 がん研究所 がんエピゲノム研究部、² 公益財団法人がん研究会
NEXT-Ganken プログラム

同一の遺伝的背景を有するがん細胞間の表現型の不均一性は、腫瘍進行や薬剤耐性を引き起こす要因となっているが、エピゲノム制御破綻がこの不均一性を引き起こすメカニズムは未だ十分に解明されていない。我々はこの課題に対処すべく、表現型不均一性の包括的解析を可能とする新規解析プラットフォーム IMPACH を構築し、マルチモーダルな lineage tracing 解析により、がん細胞における不均一性創出機構の解明を進めてきた。本研究では、多くのがんで高頻度に認められる SWI/SNF 複合体の機能喪失に着目し、当該機能喪失が転写不均一性を誘導することを明らかにした。さらに、一部のクローンにおいて不均一性を反映した新たな表現型への遷移を促進しうることを示した。IMPACH は、がん細胞における不均一性創出機構の包括的理解に資する有用な基盤技術である。

ルブリシンの滑膜炎制御による顎関節恒常性維持機構

根岸宗一郎¹、澁坂和大²、前村美希¹、齋藤琢³、岡田寛之⁴、矢野文子⁵

¹ 昭和医科大学 歯学研究科 顎顔面口腔外科学講座

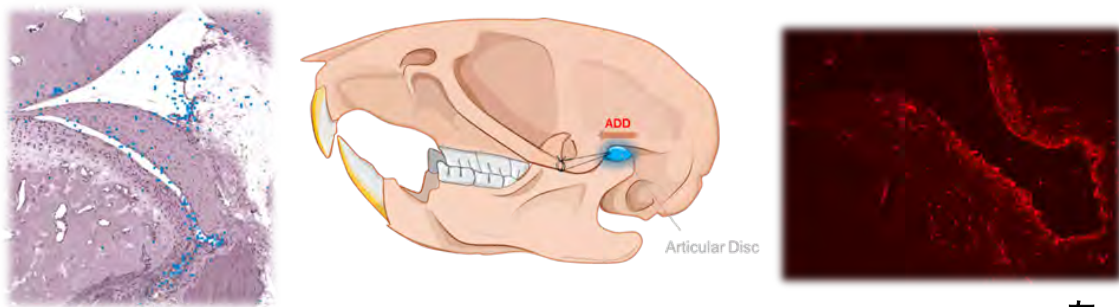
² 昭和医科大学 歯学研究科 歯科矯正学講座

³ 東京大学 医学部 整形外科

⁴ 東京大学大学院医学研究科 疾患生命工学センター 臨床医工学部門

⁵ 昭和医科大学 統括研究推進センター

顎関節における変性関節疾患である変形性顎関節症 (TMJ-OA) は、未だ分子病態が明らかとされておらず、治療法は対症療法が第一選択である。本研究では、関節潤滑タンパク質であるプロテオグリカン 4 (proteoglycan 4 : *Prg4*, lubricin と呼ばれる) が、生理的および病的条件下における顎関節の恒常性維持に果たす役割を検討した。空間トランスクリプトーム解析(VisiumHD)により、顎関節後方滑膜において *Prg4* が特異的に高発現していることを確認した。TMJ-OA モデルとして、野生型 (WT) および *Prg4* 欠損 (*Prg4*-KO) マウスに対し、外科的に関節円板前方転位 (ADD) を施術した。その結果、Sham 手術群では組織学的変化は認められなかったが、ADD モデルでは下顎頭の変形、軟骨変性、滑膜過形成、軟骨下骨の骨吸収が生じ、これらは *Prg4*-KO マウスで顕著に増悪した。さらに、IL-1 β 刺激下の滑膜細胞解析 (*In vitro*) では、*Prg4*-KO 群において 48 時間後に Mmp 群の著明な発現上昇を伴う遅延かつ過剰な炎症応答が認められた。また、WT 滑膜細胞では 24 時間後に一過性の *Prg4* 発現上昇がみられ、炎症シグナルの早期制御への関与が示唆された。*Prg4*^{CreERT2/WT}; Rosa26-tdTomato マウスを用いた系譜追跡解析により、ADD モデルの炎症滑膜組織内で *Prg4* 発現細胞が増加することが確認され、抗炎症・修復的役割が示唆された。以上より、*Prg4* は顎関節後方滑膜における領域特異的機能を有し、炎症および変性の抑制、とくに TMJ-OA 進行初期における炎症収束への寄与が示され、新規治療標的となる可能性が示唆された。



左：

Visium HD における *Prg4* 発現分布 中央：ADD モデル模式図 右：免疫蛍光による *Prg4* 細胞系譜追跡

A Platform Solution for Viral Clearance Testing using NGS in Biologics Production

平田 直彦（発表者：坂下 悼也）
株式会社キアゲン サービスソリューション部

New guidelines for biologics production now encourage the use of high-throughput sequencing (HTS) to test for safety and demonstrate the absence of adventitious viruses.

Five reference viruses have been proposed to represent various physicochemical and genomic properties. Currently designated as CBER NGS Virus Reagents, these include the Epstein-Barr virus (EBV or human herpes virus 4), feline leukemia virus (FeLV), respiratory syncytial virus (RSV), mammalian orthoreovirus type 1 (Reo1), and porcine circovirus type 1 (PCV1). Spike-in studies using these reference materials are required to establish limits of detection (LOD). These studies will demonstrate the feasibility of replacing current established tests with HTS. The ideal sample type would be growth media supernatant, from which virome nucleic acids are extracted and sequenced using short or long read technologies.

Given the anticipated data volume, bioinformatic workflows must be able to isolate viral reads from a pool of predominantly host-originating reads. Workflows should also be able to identify the best reference from databases of relevant adventitious agents and viruses before mapping and quantification.

A recent multi-laboratory study by Chin et al. [1] demonstrates the setup of such spike-in studies, including the evaluation of targeted (using a few selected references) versus non-targeted (using comprehensive virus databases) analysis workflows. QIAGEN CLC Genomics platform offers functionalities to support both approaches in GxP environments.

References:

[1] Chin PJ, et al. Virus detection by short read high throughput sequencing in a high virus low cellular background. *Npj Vaccines*. 2025;10(61).

スジアラ *Plectropomus leopardus* における突然変異率の推定

宇治督¹, 中村洋路², 安池元重²

¹水産研究・教育機構水産技術研究所, ²水産研究・教育機構水産資源研究所

突然変異率は集団遺伝学における基本的パラメーターであり、人口統計学および系統学的推論の重要なスケールパラメーターとして機能する。しかしながら、硬骨魚類における新規突然変異率の推定は限られた生物種でのみ実施されており、多くの種で未解明のままである。本研究の対象種であるスジアラにおいては、日本国内に遺伝的に分化した2つの集団の存在が示唆されているものの、突然変異率が未知であるため、これらの集団の分岐年代は依然として不明である。そこで本研究では、親子トリオのゲノム情報を活用した直接的アプローチによりスジアラの突然変異率推定を行った。



不明疾患におけるNGSを用いたメタゲノム解析の検討

野口 優、佐藤 亘、北添 詩乃、下元 かおり、松本 一繁
高知県衛生環境研究所

感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律第14条の2に基づく、感染症発生動向調査では、医療機関から提供される咽頭拭い液・ふん便・喀痰・髄液等の臨床検体を用い、主にPCR法で検査を実施している。しかし、感染症が疑われる臨床症状があるにもかかわらず、PCR法では病原体が検出されない検体も一定数存在する。そこで、これらの検体について病原体の特定を目的に、NGSを用いたメタゲノム解析を試みた。その結果、ふん便から *Clostridium perfringens* が、咽頭拭い液から *Haemophilus parahaemolyticus* が検出された。

さらに、検体にはヒト由来のゲノムが多く含まれているため、検体前処理の実施の有無が検出感度に与える影響を検討した結果、日和見感染菌である *Stenotrophomonas maltophilia* の検出感度と塩基の一致数が前処理実施群で上昇した。

PCR を用いたロングリードシーケンスにおける PCR 酵素の選択の重要性

北嶋友人¹，鳥居昇平¹，木村剛隆¹

¹ タカラバイオ株式会社

ロングリードシーケンスは、リピート領域や構造変異の解析で強みを示し、がんゲノムや希少疾患研究での利用が拡大している。特に、特定領域をコスト効率よく解析する実務では、多領域（マルチプレックス）アンプリコン増幅を用いたターゲットロングリード解析の重要性が高まっている。一方、PCR を用いたロングリードシーケンスでは、アンプリコン長の制限や、配列依存の増幅バイアス、エラーの蓄積といった課題が存在する。これらを軽減するために、ロングリード向けに最適化した DNA ポリメラーゼを開発した。本報告では、推奨反応条件とワークフロー、ならびに 10kb 以上の 20 ターゲットマルチプレックス PCR を用いたロングリードシーケンスの実用性を示す。Oxford Nanopore Technologies（ONT）プラットフォーム上での評価を行い、DNA ポリメラーゼの選択がリード長分布・オンターゲット率・カバレッジ均一性・ターゲット配列の完全性といった品質指標の向上に寄与することを示す。

演題番号：12

イルミナが提案する新たなシングルセル RNA-Seq ソリューション

*山口 和晃¹、仲 健太¹、Robert Meltzer²

¹ イルミナ株式会社, ² Illumina, Inc.

シングルセル RNA-Seq 技術は、個々の細胞における遺伝子発現解析を行うための強力な手法として、近年急速に発展し、多くの研究分野で広く利用されている。

シングルセル解析において現在主流となっているのは、ドロップレット（液滴）ベースの技術であり、これにより数千から数百万の細胞を同時に解析することが可能となった。代表的な手法としては、Drop-Seq、inDrop などがあり、いずれもマイクロ流路デバイスのような専用装置を必要とする。一方、Illumina Single Cell 3' RNA Prep (ISCP) は、ドロップレットベースの技術でありながら、特別な装置を必要とせず、より簡便な方法で同様の解析を実現する点が大きな特徴である。

本発表ではドロップレットベースのシングルセル RNA-Seq 技術に焦点を当て、ISCP の基盤技術である PIPseq™について紹介する。

Synchrotron Imaging and Transcriptomics Analysis Reveal 3D Remodeling and Molecular Pathogenesis of Aortic Dissection in *Fbn1*^{G234D/G234D} Novel Mutant Mice

Md Al Amin Sheikh^{1,2}, Kenichi Kimura¹, Eri Motoyama¹, Violette Deleeuw³, Sachiko Kanki⁴, Keiichi Asano¹, Ryutaro Ishii^{1,5}, Patrick Sips³, Julie De Backer⁶, Lynn Y Sakai⁷, Haruka Ozaki^{5,8}, Hiromi Yanagisawa^{1,5}

¹ Life Science Center for Survival Dynamics, TARA, University of Tsukuba, ² School of Integrative and Global Major, University of Tsukuba, ³ Department of Biomolecular Medicine, Ghent University, ⁴ Thoracic and Cardiovascular Surgery, Osaka Medical and Pharmaceutical University, ⁵ Institute of Medicine, University of Tsukuba, ⁶ Department of Cardiology and Center for Medical Genetics, Ghent University Hospital, ⁷ Oregon Health and Science University, ⁸ Laboratory for AI Biology, RIKEN Center for Biosystems Dynamics Research,

Aortic dissection (AD) is characterized by the separation of the medial layers of the aorta. One of the main causes of AD is the mutation of the Fibrillin 1 gene (*FBN1*), which is the major component of elastic fibers. In *Fbn1*^{G234D/G234D} mice, the intima tears and medial layer disruption started at 3 weeks old and 50% of mice died by 5 weeks old due to aortic rupture. However, how the AD expansion in the ascending aorta and the molecular trigger may play an important role in *Fbn1*^{G234D/G234D} is still unknown. To investigate the magnitude and expansion of AD lesions, 3D reconstruction of the ascending aorta was performed using propagation-based X-ray phase-contrast synchrotron imaging in wild-type (n=19) and *Fbn1*^{G234D/G234D} (n=17) aortas at 3 weeks and 5 weeks. We found that at 3 weeks, *Fbn1*^{G234D/G234D} mice showed small aortic intimomedial tears localized randomly. At 5 weeks, multiple tears developed along the longitudinal axis to the ascending aorta, revealing no significant difference between the inner and outer curvature regions. Notably, the depth of intimomedial tears is frequently associated with thicker adventitia wall. Furthermore, to gain mechanistic insight into AD pathogenesis, we performed single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) of the ascending aorta at 3 and 5 weeks of age and found the *Fbn1*^{G234D/G234D} smooth muscle cell (SMC) population expresses genes involved in ECM interaction and focal adhesion compared to WT SMCs. Then, the validation was performed by immunofluorescence staining and confirmed the robust expression of ECM proteins specifically in the medial layer of the ascending aorta in *Fbn1*^{G234D/G234D} mice, where α SMA expression was notably diminished. Furthermore, upregulation of focal adhesion kinase was demonstrated by western blotting. The spatially localized upregulation of focal adhesion and SMC remodeling genes, alongside a reduction in α SMA, suggests that these molecular changes reflect pathological remodeling events associated with disease progression in aortic dissection.

演題番号：14

サラブレッド多型データベースの紹介とその解析例

石毛太一郎, 川手皓貴, 菊地美緒, 古川梨紗子, 戸崎晃明, 梶裕永
競走馬理化学研究所

我々は、サラブレッドにおける遺伝子改変検査に対応するため、日本産あるいは米国、英国、アイルランド、フランスで生産され、日本に輸入された 101 頭の非血縁サラブレッドを対象として全ゲノム解読を行い、得られた DNA 多型を集計してデータベースを構築した。

一方、既存のウマの SNP データベースには様々な品種由来の SNP が含まれており、どの品種に由来するのかが不明確であるという問題点がある。そのため、サラブレッドに特化した本データベースを活用することで、日本におけるサラブレッド集団の遺伝的多様性をより正確に把握することが可能となる。

本報告では、このサラブレッド多型データベースの概要を紹介するとともに、自然免疫の一つである Toll 様受容体 (Toll-Like Receptor, TLR) 遺伝子を解析した事例について報告する。

演題番号：15

アデニン投与マウス腎臓におけるシングルセル RNA-seq 解析

松本健太郎, 五字弘, 根岸走, 植屋佑一, 田中優

JSR 株式会社 JSR Bioscience and informatics R&D center

慢性腎臓病(CKD)は腎臓の機能が慢性的に低下する病態であり、高齢化に伴い世界的な健康問題となっている。アデニン投与マウスは、尿細管障害や間質線維化が生じる代表的 CKD モデルであるが、その病態形成に関わる細胞型特異的な分子変化は十分に理解されていない。本研究では、通常食群とアデニン食群のマウス腎臓をシングルセル RNA-seq により解析し、各細胞型における発現変動遺伝子を探索することを目的とする。特に、線維化や炎症関連遺伝子の変動に着目し、病態に寄与する分子群を明らかとする。本研究は、アデニン投与モデルの病態解釈を深化させ、CKD 研究の基盤となる知見を提供することが期待される。

骨肉腫の1細胞および空間トランスクリプトームによる空間的ゲノム異質性と原因遺伝子探索

原田知季¹, 松下祐樹², 近藤圭太², 松本拡高¹

¹長崎大学大学院総合生産科学研究科・総合生産科学専攻

²長崎大学大学院医歯薬学総合研究科・硬組織発生再生学分野

骨肉腫は若年層に発症し、予後不良で、効果的な治療法と早期発見が喫緊の課題である。その背景には、腫瘍内の複雑なゲノム異質性や微小環境が深く関与している。本研究では、骨肉腫の1細胞 RNA-seq および空間トランスクリプトームデータから、腫瘍内ゲノム異質性を空間的に解明し、新規ドライバー遺伝子候補を探索することを目的とした。CopyKATを用いて、1細胞 RNA-seq からコピー数異常 (CNV) の解析と、細胞の位置情報を持つ空間トランスクリプトーム解析を統合した独自のパイプラインを構築した。個々の細胞ががん細胞か正常細胞かを分類し (図 1)、その空間的な配置を特定した (図 2)。これにより、シングルセルレベルでの CNV プロファイリングに加え、それらの CNV が腫瘍内でどのように空間的に分布しているかを可視化した。本研究で得られた空間情報と CNV 解析の知見を用いて骨肉腫の病態理解を深め、ドライバー遺伝子候補について更なる探求を続けていきたい。

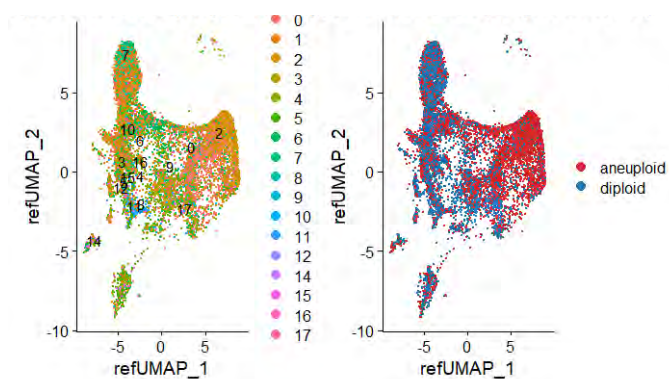


図 1 CopyKAT によるがん細胞の判別

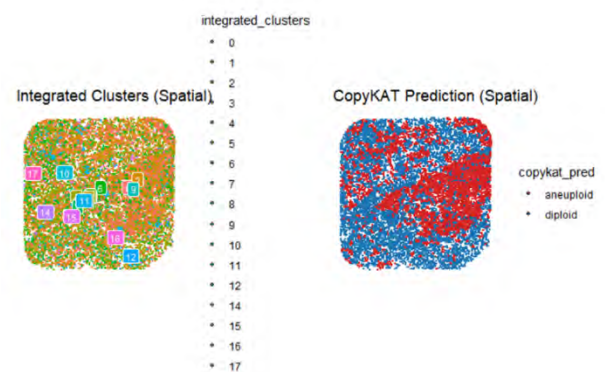


図 2 図 1 の空間情報

トランスクリプトミクスとメタボロミクスによる髄膜腫の解析

大谷悠斗¹, 杉浦伸之輔¹, 松田智哉¹, 財津桂¹, 江口盛一郎²

¹近畿大学, ²東京女子医科大学

髄膜腫は arachnoid cap cells から発生する脳腫瘍であり、組織診断を基本とした世界保健機構（WHO）の診断基準に従い、グレード 1～3（G1～3）に分類される。髄膜腫の大部分が良性とされ、一部の症例では悪性化することが知られているが、その悪性化機序については詳細が解明されていない。また、従来の組織学的分類だけでは、再発リスクなどを正確に予測することが困難であることも明らかになっており、分子レベルでの理解が求められる。そこで本研究では、G1～3 のヒト髄膜腫検体についてトランスクリプトーム解析を実施した。その結果、G2 群に遺伝子プロファイルが大きく異なり、G3 群に近い遺伝子プロファイルを有する髄膜腫検体の存在が示唆された。さらにメタボロミクスを追加分析した結果、これらの検体は代謝プロファイルが大きく異なることが示された。以上の結果は、G2 群内において生物学的悪性度の異なる腫瘍が共存していることを示唆するものと考えられた。

長鎖トランスクリプトーム解析における副産物 DNA の可視化と特異的抑制

矢野 実^{1,2}、笹川 洋平^{1,2}、川越 凜^{1,2}、岩山 佳美^{1,2}、二階堂 愛^{1,2}

¹ 東京科学大学 総合研究院 難治疾患研究所 バイオデータ科学部門 ゲノム機能情報分野、

² 理化学研究所 最先端研究プラットフォーム連携事業本部 科学研究基盤モデル開発プログラム オミクス計算モデル開発チーム

近年、1 細胞 RNA シーケンス法や空間トランスクリプトーム解析など、微量 RNA を標的とするトランスクリプトーム技術が急速に発展している。これらの技術では、微量 RNA からの whole-transcript amplification (WTA) が不可欠であり、template-switching 法、random priming 法、poly-A tagging 法など多様な手法が用いられている。WTA の手法は多数存在するが、メカニズムの違いにかかわらず副産物 DNA が共通して合成され、それが有効リード数や遺伝子発現定量性能に悪影響を及ぼすことが知られている。したがって、副産物 DNA の発生を抑制・除去するための対策は、全ての WTA 法において共通して重要な課題である。

我々は、長鎖 cDNA シーケンスデータを用いて、副産物 DNA の定量的な解析を行うためのソフトウェア「AdapStat」を開発し、WTA で使用されたアダプター配列の配置パターンを解析することで、意図した増幅産物と副産物 DNA を分類し、定量的に評価できるようにした。これにより、両端が第 2 アダプター配列を有する副産物 DNA を複数の WTA 手法において検出・定量することに成功した。解析の結果、全ての WTA 法においてこの種の副産物 DNA が一定割合で合成されており、その発生メカニズムには手法ごとに異なる特徴があることが示唆された。具体的には、template-switching 法では TSO による rRNA へのミスプライミング、random priming 法ではゲノム DNA へのミスプライミングが副産物生成の一因であると考えられた。

この問題を解決するため、我々は新たな手法「AsyBlocker」を開発し、特許を申請した。AsyBlocker は、複数の WTA 法に対して有効であり、検出遺伝子数の向上や定量精度の改善が確認された。本発表では、副産物 DNA の分子機構、AdapStat による定量解析、AsyBlocker の効果、ならびにその応用可能性について報告する。

核酸医薬のハイブリ依存オフターゲット作用の評価における RNA-seq とマイクロアレイの比較

内田 安則、吉田 徳幸、井上 貴雄

国立医薬品食品衛生研究所 遺伝子医薬部

アンチセンスや siRNA に代表される核酸医薬は、「ハイブリ依存オフターゲット作用（標的 RNA と似た配列を持つ RNA に相補結合し、当該 RNA の量や機能に影響を与えること）」に起因する毒性を発現する可能性がある。このため、臨床試験前にヒトでのオフターゲット効果を予測・評価することが求められる。オフターゲット効果の評価法としては、相補結合する可能性のある RNA を *in silico* で特定した上で、ヒト細胞に核酸医薬を導入して遺伝子発現変動を解析する *in vitro* 解析を行い、ヒト個体において影響を受けうるオフターゲット遺伝子を特定する手順が推奨される。このうち *in vitro* 解析においては、オフターゲット遺伝子を漏れなく特定するため、網羅的な遺伝子発現変動解析を行う必要があり、手法として RNA-seq やマイクロアレイが利用されている。しかし、各手法を用いたオフターゲット評価により得られるデータの特徴や、解析の際の留意点は整理されていない。

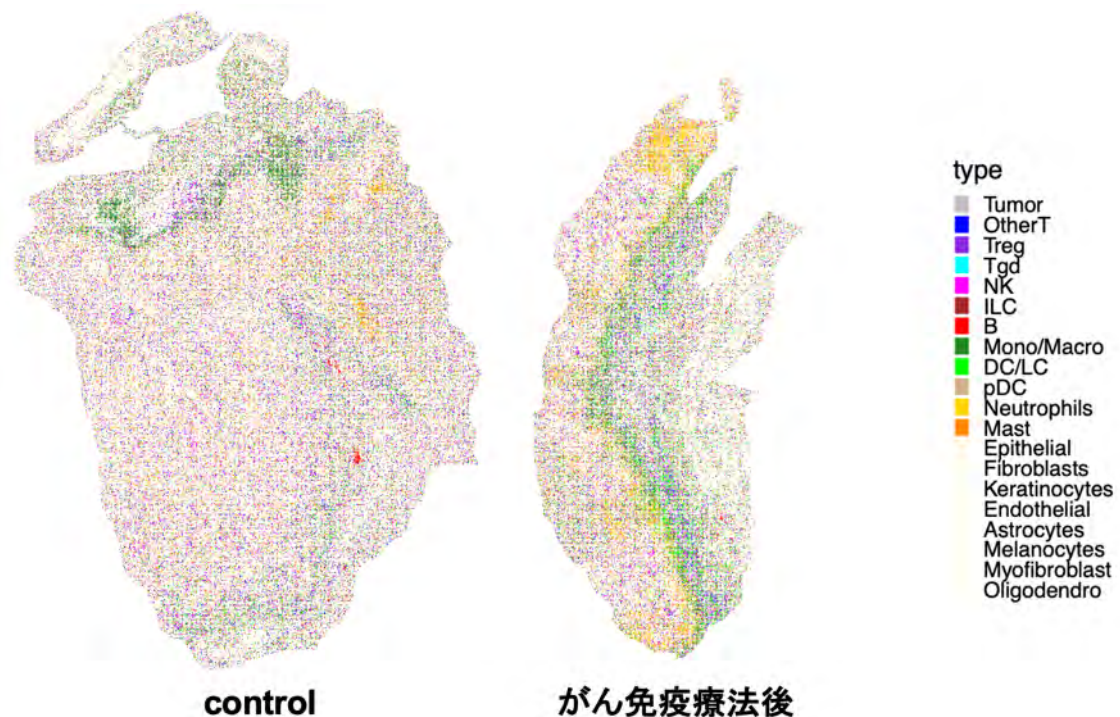
そこで本研究では、RNA 分解型アンチセンスをモデル核酸医薬としてヒト細胞に導入した上で、RNA-seq またはマイクロアレイによる遺伝子発現変動解析を実施し、得られたデータの比較検討を行った。その結果、各手法での遺伝子発現データの特徴や、RNA-seq におけるリード数の影響などが明らかになった。本発表では、得られた結果の詳細を紹介するとともに、各手法でオフターゲット評価を行う際の留意点について考察する。

Stereo-seq を用いた腫瘍内微小環境の解明

竹内大貴^{1,2}, 中村やまみ³, 高松漂太², 大島至郎², 坂口志文^{3,4}, 大倉永也^{1,3}

¹大阪大学医学系研究科基礎腫瘍免疫学共同研究講座, ²独立行政法人国立病院機構大阪南医療センター臨床研究部, ³大阪大学免疫学フロンティア研究センター実験免疫学, ⁴京都大学医生物学研究所実験免疫学

本研究では免疫細胞の分布をシングルセルレベルで可視化し、マウスにおける腫瘍内微小環境の解明を目指した。現在、がん治療の新たな選択肢としてがん免疫治療が期待されているが、現状のがん免疫療法では十分な臨床効果は得られておらず、制御性 T 細胞を含む腫瘍内に動員された免疫細胞の働きを理解することが必須である。腫瘍内免疫細胞の分布や働きを理解するためには細胞ごとの遺伝子発現プロファイルに加えて空間情報も取得できるシングルセル空間解析が最適であるが、1細胞ごとの RNA 量が少なくアノテーションが困難という問題がある。そこで、Stereo-seq を用いてデコンボリューションを行うことでシングルセル空間解析を行い、その結果、がん免疫療法を行うことで免疫細胞が腫瘍内で境界面を形成している様子を捉えることができた。本研究によりマウスにおける腫瘍内微小環境の一端を解明できた。



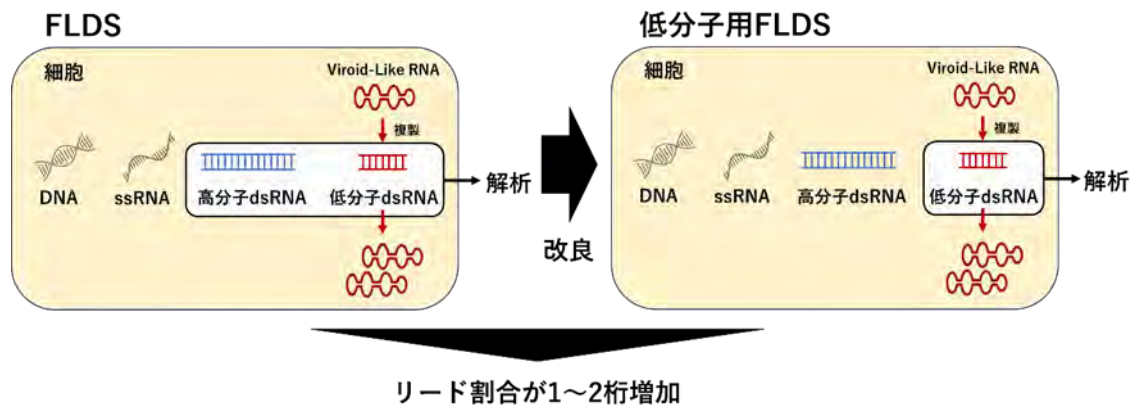
2 本鎖 RNA を対象とする Viroid-Like RNA 探索手法の比較検討

河村聡太¹, 渡邊周里¹, 松下陽介², 浦山俊一^{3,4}

¹筑波大・院生物資源, ²農研機構・植物防疫研究部門, ³筑波大・生命環境系, ⁴筑波大・MiCS

ウィロイド (Viroid) とは、環状 1 本鎖 RNA をゲノムとする植物特有の最小病原因子である。近年、植物以外の生物にウィロイドと類似した因子、Viroid-Like RNA の存在が報告され始めている。当研究室ではこのような因子の多くが未発見の状態にあると考え、従来の RNA-seq よりも Viroid-Like RNA を信頼度高く広範囲に探索可能な Fragmented-and adapter-Ligated DsRNA Sequencing method (FLDS) を開発した。

本研究では、多数の試料を用いた FLDS による網羅的な探索を実現するため、Viroid-Like RNA の検出感度向上を目的に、FLDS の RNA 精製操作に改良を加え、低分子用 FLDS を確立した。具体的には、磁気ビーズによる低分子 RNA の回収操作を加えた手法で、FLDS よりも選択的な Viroid-Like RNA の精製を可能にした。結果として、Viroid-Like RNA のリード割合が 1~2 桁増加し、検出感度の向上に成功した。今後は、広範な試料を対象に当該手法を用いて Viroid-Like RNA 探索を行う。



ウイルス感染細胞の検出法としての次世代シーケンサーの性能評価

○平井孝昌¹, 片岡清子¹, 齊藤暁², 安田智¹, 河野健¹

¹国立医薬品食品衛生研究所 再生・細胞医療製品部, ²宮崎大学 農学部獣医学領域

次世代シーケンサー (NGS) は、バイオテクノロジー応用医薬品等におけるウイルス試験への応用に向けて研究が行われている。しかし、ウイルスおよびウイルス感染細胞の検出における NGS の性能は十分に検討されていない。そこで、本研究は NGS を用いたウイルス試験法の開発を目的とし、外来性ウイルスの感染細胞の検出における NGS の性能評価を行った。はじめに、モデルウイルスとして用いた 5 型アデノウイルス (Ad) を感染させた Vero 細胞の total RNA を 10 倍系列で段階希釈したサンプルを調製し、GridION を用いた RNA-Seq 法にて解析した。得られたリードのうち、ウイルス参照データベースである Clustered Reference Viral Database (C-RVDB) ver.20.0 中の Ad 配列にマッピングされたリード数を指標として評価した結果、Ad 配列にマッピングされたリード数は希釈倍率に従って減少し、 10^7 倍希釈まで検出された。一方で、Ad 配列以外にも約 150 種類のウイルス配列 (バックグラウンド配列) が検出されたことから、低コピー数のサンプルでは Ad を外来性ウイルスと判別するのは困難であることが示唆された。そこで、収載配列数が多い C-RVDB ver.20.0 の代わりに、ヒトへの感染性を有するウイルスの配列のみを収載したデータベース (Virus-Host Database, VHDB) を作成し、同じデータを再解析した。その結果、VHDB を用いることで、Ad の検出性を損なうことなく、バックグラウンド配列の検出数を大幅に減らすことができた。これらのことから、GridION を用いた RNA-Seq 法にて外来性ウイルスの感染細胞を高感度に検出可能であることが示され、適切なサイズのデータベースを用いることで、より特異的なウイルス検出が可能であることが示唆される。

ナノポアシーケンスのみを用いた T2T ゲノム構築技術の評価

西澤明人¹, 上村泰央¹

¹株式会社ジーンベイ

テロメアからテロメアまで (telomere-to-telomere: T2T) の完全に近いゲノム配列は、長いリピートや複雑な構造の存在により、構築が困難であった。近年、オックスフォード・ナノポア・テクノロジーズのウルトラロングリード、PacBio の HiFi リード、さらにクロマチン構造を捉える Illumina の Hi-C リードを組み合わせることで、T2T レベルのゲノム配列構築が可能であることが報告されている。しかし、このアプローチは複数のシーケンスプラットフォームを利用・統合する必要があり、コストや作業の複雑さが増すため、広範な応用には制約となり得る。

この課題を克服するため、ナノポアシーケンスのみを用いた T2T アセンブリ手法が提案されている。具体的には、PacBio HiFi リードの代替としてエラー補正済みのウルトラロングリードを利用し、Hi-C の代替としてナノポアベースの Pore-C データを用いることで、ナノポアのみでの T2T ゲノム配列構築を目指すものである。

本研究では、ヒト細胞株 GM24385(HG002)から取得したウルトラロングリード、Pore-C、および APK (Assembly Polishing Kit) データを用いてアセンブリ解析を行い、ナノポアのみを用いた T2T ゲノム配列構築技術の実現可能性を検証した。得られたアセンブリの品質、完全性、構造的正確性を評価し、ナノポアのみでの T2T ゲノム配列構築の有効性と現時点における課題について考察を行う。

演題番号：24

被子植物の全ての目（もく）でのゲノム解読

白澤健太, 青柳優太, 飯村秀明, 佐藤光彦
かずさ DNA 研究所

演者らはこれまで 100 を超える植物の全ゲノム配列解析を実施しており、最近ではさまざまな試行錯誤の末にテロメア・ツー・テロメア (T2T) でのゲノム配列の解読にも成功した。それらのゲノム情報は Kazusa Genome Atlas (<https://genome.kazusa.or.jp>) から公開している。しかしながら、被子植物では未だに半数の目（もく）ではゲノム解読がなされていない。本発表では、研究が手つかずの植物（図 1）のゲノム配列を T2T で解読しようとする演者らの「かずさゲノムプロジェクト」の取り組みから、植物ゲノムを俯瞰したときに一体何が解明できるのかについて紹介したい。



図 1. ゲノム解読に取り組んでいる研究が手つかずの植物

マウスクローン胚におけるリプログラミング異常への H3 バリエントの関与

○船屋智史¹、四方大樹¹、阿部周策²、的場章悟¹、三浦健人¹、越後貫成美¹、
石内崇士³、佐々木裕之²、井上貴美子¹、小倉淳郎¹
¹理研 BRC、²九大生医研、³山梨大院生命環境)

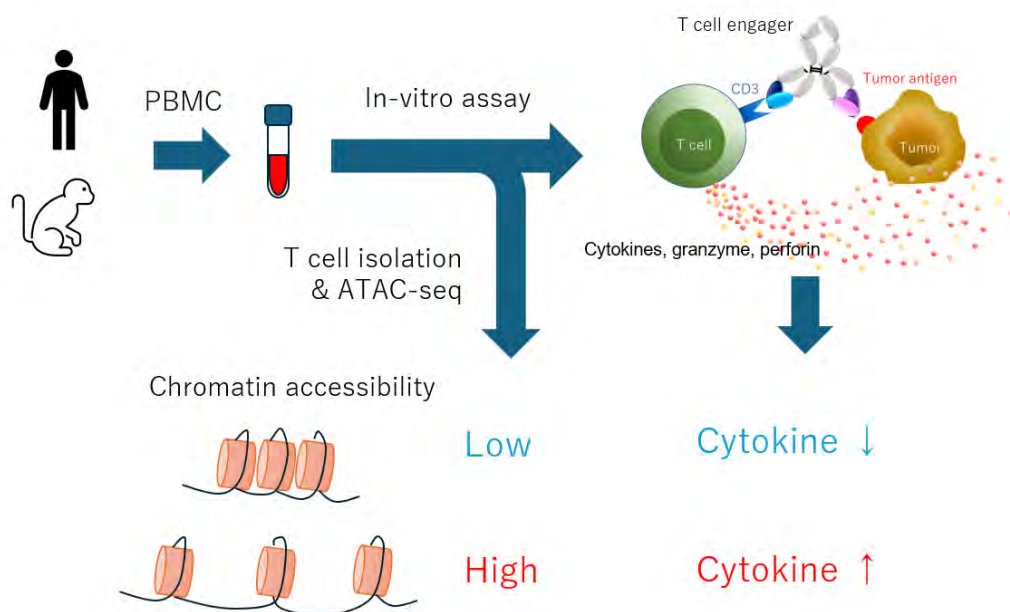
体細胞核移植技術により作製されるクローン胚は受精卵同様に全能性を獲得するが、その出生率は極めて低い。受精直後には、ヒストン修飾や DNA メチル化などエピゲノムの大規模な変化が起こり、これは「エピジェネティック・リプログラミング」と呼ばれている。しかしながら、クローン胚ではドナー細胞由来のエピゲノムがリプログラミングに抵抗性を示し、初期発生異常につながることが報告されている。ヌクレオソームを構成するコアヒストン、特にヒストン修飾パターンが豊富なヒストン H3 バリエント H3.3 は、受精後の短期間で大規模かつ迅速に置換され、局在パターンが大きく変化することが知られている。クローン胚では H3.3 バリエントに関しても、ドナー細胞由来の局在パターンが持ち越され、リプログラミング異常を示す可能性があるが、クローン胚における H3.3 バリエントのゲノムワイドな局在はこれまで明らかにされていなかった。本研究では、ChIP-seq を用いてクローン胚における H3.3 バリエントのゲノムワイドな局在を解析した。その結果、クローン胚において H3.3 バリエントの局在パターンはリプログラミング異常を示しており、クローン胚で見られるヒストン修飾や DNA 複製パターンの異常と関連していることが明らかとなった。

T細胞エンゲージャー誘発性サイトカイン放出症候群の制御機構解明に向けた T細胞クロマチンアクセシビリティ解析

成島 悠太¹、岩田 良香¹、松下 智哉¹、坂本 裕一郎¹、坂本 昭久¹、原田 麻子¹、
三島 雅之¹、鈴木 弘美¹、大山 創平¹

¹中外製薬株式会社 中外ライフサイエンスパーク横浜

T細胞エンゲージャー（TCE）は有望ながん免疫療法であるが、重篤なサイトカイン放出症候群（CRS）が臨床応用の課題となっている。CRS 軽減策として漸増投与法が臨床導入されているものの、その分子機序は不明である。本研究は、漸増投与が TCE 誘導性サイトカイン産生をどのように制御するかをクロマチンアクセシビリティの観点から解明することを目的とした。本研究では、健康人の PBMC を用いて漸増投与条件を in-vitro で再現し、ATAC-seq を実施した。さらに、PBMC-腫瘍細胞共培養系に TCE を添加し、サイトカイン量を測定した。また、サルを用いた漸増投与試験において PBMC を回収し、同様の試験を実施した。その結果、漸増投与により T 細胞のサイトカイン遺伝子の周辺領域でクロマチンアクセシビリティが変化し、サイトカイン産生量の変化と一致性が見られた。類似の傾向はカニクイザル T 細胞でも確認され、漸増投与は TCE 活性化 T 細胞においてクロマチンを部分的に制御し、サイトカイン放出を抑制する可能性が示された。



睡眠時無呼吸症候群モデルマウスの腎炎症遺伝子変化に対する Nrf2 活性化薬 フマル酸ジメチルの有効性検証

泉崎謙介^{1,2}、渡邊裕宣¹、内田有希¹、見代健太^{1,2}、中野僚太³、細沼雅弘⁴、
鬼丸洋¹、山崎喜貴⁵、上條翔太郎³、吉川輝⁶、泉崎雅彦¹

¹ 昭和医科大学医学部生理学講座生体調節機能学部門、² 昭和医科大学藤が丘病院呼吸器内科、³ 昭和医科大学大学院薬学研究科生理学分野、⁴ 昭和医科大学医学部薬理学講座医科薬理学部門、⁵ 昭和医科大学大学院薬学研究科毒物学分野、⁶ 昭和医科大学保健医療学部保健医療学教育学

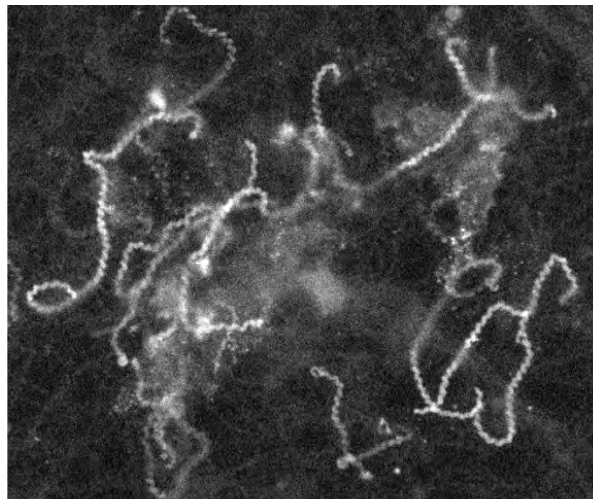
睡眠時無呼吸症候群は腎障害と関連するがその機序は未解明である。本研究では睡眠時無呼吸症候群モデルマウスを用いた機序解析と、Nrf2 活性化薬フマル酸ジメチル (DMF) の有効性を検証した。8 週齢 C57BL/6J マウスを大気群、間欠的低酸素群 (10~21%O₂ を 2 分間隔変動、8 時間/日)、持続的低酸素群 (10%O₂、8 時間/日) に 28 日間曝露し、通常食または DMF 添加食で飼育した。6 群の腎組織について bulk RNA-seq 解析を実施した。通常食において、大気群と比較し間欠的低酸素群では 313 遺伝子の変動し (上昇 128/下降 185)、炎症関連遺伝子群の上昇を認めた。間欠的低酸素下において、通常食と比較し DMF 添加食では 404 遺伝子の変動し (上昇 183/下降 221)、抗炎症作用を示した。RT-qPCR 解析では、間欠的低酸素により炎症関連遺伝子 *Angptl4* の発現が上昇し DMF 添加により抑制された。以上より、間欠的低酸素による腎での炎症には *Angptl4* が関与し、DMF がその抑制を通じて腎保護効果を有する可能性が示唆された。

ゲノムスケール代謝ネットワーク再構築による新しい細菌代謝研究

尾鶴 亮

福岡大学医学部微生物・免疫学講座

NGS の普及は、細菌ゲノム情報の爆発的な増加をもたらした。しかし、特に細菌代謝研究においては、膨大なゲノム情報を機能的に解釈し、代謝系全体の複雑な相互作用や動的な振る舞いを理解することが中心的な課題となっている。本発表では、この課題に対する強力な解決策として、ゲノム情報から代謝システム全体をボトムアップに再構築する「ゲノムスケール代謝ネットワーク再構築 (Genome-scale metabolic network reconstruction: GENRE)」技術を紹介する。GENRE が NGS データをどのように数理モデルへと変換し、細胞の代謝能力の網羅的な理解と *in silico* での定量的予測を可能にするか、その原理とワークフローを解説する。さらに本手法の予測能力と実用性を示す実証例として、人獣共通感染症「レプトスピラ症」の原因菌を対象とした研究を紹介する。GENRE による解析が、レプトスピラの炭素源利用に関して一世紀以上信じられてきた定説を覆す予測をいかにして導き出し、その後のウェットな実験で証明されたか、そのプロセスを治療応用の可能性まで含めて詳述する。



レプトスピラ (*Leptospira interrogans*) の大気圧電子顕微鏡像

演題番号：29

Oxford Nanopore シーケンスデータ解析の紹介

出立兼一，大崎研

株式会社オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ

オックスフォード・ナノポアテクノロジーズは、DNA や RNA のリアルタイムロングリードシーケンスを可能にするシーケンサー（PromethION や GridION など）を提供している。本ポスターでは、ナノポアデータ解析のための代表的なツールである Dorado と EPI2ME を紹介する。Dorado は高精度なベールコールが可能であるツールであるが、ベースコール以外にも様々な機能を有する。また、EPI2ME はローカルもしくはクラウドベースの解析プラットフォームで、ヒトゲノム変異解析やメタゲノム解析などを容易に実行できる。両ツールを組み合わせることで、データ解析初心者でもシンプルかつ効率的にナノポアデータの処理・解釈が可能となる。本発表では、これらのツールの概要と実際の利用例を紹介したい。

Bulk RNA-seq を基にした擬時間解析による、不活化ウイルス全粒子インフルエンザワクチンの臨床試験検体の評価

○輿石雄一¹，大野円実^{2,3,4}，遠藤昌史⁵，茨木佳代⁵，新開大史^{1,2,3,6}，喜田 宏^{1,2,3,6}

¹ 北海道大学 人獣共通感染症国際共同研究所 ワクチン研究・開発部門

² 北海道大学 人獣共通感染症国際共同研究所 生物製剤研究開発部門

³ 北海道大学 ワクチン研究開発拠点

⁴ 北海道大学 One Health リサーチセンター

⁵ KM バイオロジクス株式会社

⁶ 北海道大学 人獣共通感染症国際共同研究所 国際協働ユニット

わが国では季節性インフルエンザワクチンとしてウイルス粒子をエーテルで破碎したスプリットワクチン（SV）が用いられているが、小児や乳幼児などに対して効果が不十分である。我々はこれまでに、不活化ウイルス全粒子ワクチン（WPV）がSVよりも初回免疫および細胞性免疫誘導に優れることを、実験動物を用いて明らかにしてきた。ヒトにおける効果を検証するために、約200人の健康な成人男性を対象にWPVの第Ⅰ/Ⅱ相臨床試験を実施した。初回接種から一定日数後に採血し、計1,300サンプルの末梢血単核球画分（PBMC）をRNA-seq解析に用いた。

ヒトを対象とした研究では、被験者の遺伝および環境要因の双方が結果を大きく左右する。本試験でも、通常の群間比較が困難なほどの大幅な個人差が認められた。そこで我々は、サンプル間の遺伝子発現パターンの違いから擬似的な時間軸を作成し、状態の変遷を可視化する「擬時間解析」を本試験データに適用した。

予測された擬時間解析はワクチン接種後の時間経過と連動しており、ワクチン接種に対するヒトの免疫反応を表していると考えられた。また、本データから4パターンの擬時間が予測され、このうちPt-3およびPt-4はTh2型およびTh1型免疫応答を表していた。さらに、WPVはTh1型とTh2型両方の免疫応答を誘導するのに対し、SVはTh2型応答を主に誘導することが推定された。この結果は、フローサイトメトリー法により算出した各被験者のPBMC中のCD4およびCD8陽性T細胞の割合と一致し、擬時間解析をもとにした推論を支持するものであった。

演題番号：31

高 GC 含有領域選択的シーケンス法の研究

内山 誠¹、永友 寛一郎¹、松本 弘嵩¹、岸本 高英¹

¹東洋紡株式会社

ヒトゲノムには、高い GC 含量を示す領域(GC 含量 62%以上)が約 5%程度存在する。高 GC 領域の増幅等に技術的課題が存在するため、GC 含量 62%以下である 95%の領域と比較すると、これらの高い GC 含量を示す領域の理解は進んでいない。

東洋紡では、独自の酵素改変技術を駆使し、KOD One® PCR Master Mix といった高 GC 領域に対しても効率的に増幅可能な試薬の研究開発に長年取り組んできた。

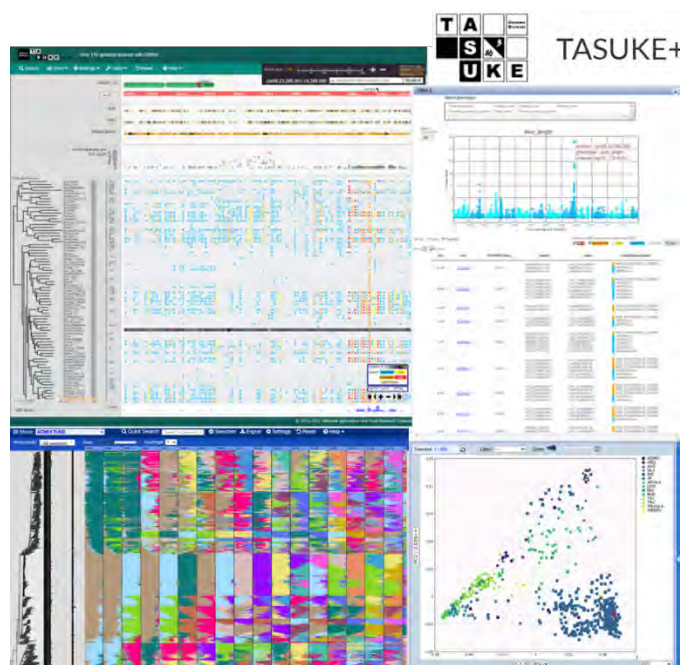
本発表では、その一環として取り組んでいる、高 GC 含有領域の検出に特化した非標的シーケンス法に関する研究を報告する。

TASUKE+：大規模なゲノム多型データや集団解析結果を可視化するゲノムブラウザ

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

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

TASUKE+は大規模なリシーケンスデータやゲノムワイド関連解析 (GWAS) データを可視化するゲノムブラウザである。数百～数千サンプルの規模のデータへ対応し、高速にブラウジング可能であり、大規模なゲノム研究プロジェクトの成果を一般化することができる。TASUKE+任意の領域を数百万塩基の領域から 1 塩基の解像度までスケラブルに表示可能であり、ユーザーはゲノムデータをさまざまな解像度で閲覧することができる。膨大なサンプルセットのゲノムデータの特徴を理解し効率的に利用するために、集団遺伝学的な解析結果の結果を表示するインターフェースの開発を進めている。全ゲノムの多型密度や、系統樹、主成分分析 (PCA) あるいはゲノムを構成する祖先集団要素を可視化する Admixture などの解析結果をインタラクティブに表示し、サンプル選択につなげるインターフェースの開発を行ったので報告する。



<https://tasuke-plus.dna.affrc.go.jp/>

褐藻オキナワモズクを用いた地球温暖化に対応する新品種作出にむけたゲノム科学的アプローチ

西辻光希¹⁾, 須藤裕介²⁾, Nihara Madushani Mahindage¹⁾, 西辻淑恵¹⁾

福井県立大学 海洋生物資源学部 先端増養殖科学科

褐藻オキナワモズクは日本で最も重要な食用海藻の1つであり、流通する90%以上は沖縄県で養殖されたものである。近年のモズク類の年間生産量は約17,000トン(20億円)程度である一方、地球温暖化による海水温上昇などの影響により2010年には8,000トンを下回り、安定生産に課題がある。発表者は、これまでに選抜された有用モズク株のゲノム解読に取り組み、亜種であることを明らかにしてきた。だが、植物と異なり海藻類は花が咲かず交雑育種が困難なため、高水温に対応できる株の作出には至っていないのが現状である。そこで本研究では、モズク類新品種作出に必要な雌雄判別および株判別手法の開発に取り組んだ。複数個体のRNA-seqおよび近縁種との比較解析により、オキナワモズクの性関連遺伝子群を特定した。この情報を元にPCRで雌雄判別できる手法の開発に成功した。またゲノム情報から各株のマイクロサテライトに注目し、株判別を可能にする手法開発にも成功した。これらの技術を用いて現在は交雑育種によるオキナワモズク新品種開発に取り組んでいる。さらに最近発見された新規有用株の系統解析やゲノム解読も行っている。



A. 食卓でのオキナワモズク。 B. 海での収穫の様子。 C. ゲノム解読された有用株

オガサワラオオコウモリ (*Pteropus pselaphon*) の全ゲノム解析と *Pteropus* 属オオコウモリの地理系統解析

鍋島 圭¹、島田康人²、大沼 学¹

¹ 国立環境研究所生物多様性領域、² 三重大学大学院医学系研究科統合薬理学

オガサワラオオコウモリ (*Pteropus pselaphon*) は小笠原諸島にのみ生息する日本の固有種で、絶滅危惧 IA 類に指定されており、その保全は喫緊の課題である。本研究では、同種の保全ゲノミクスの基盤整備を目的として高精度ゲノム基盤の構築を行い、*Pteropus* 属における進化的位置を明らかにした。本研究によりオガサワラオオコウモリの高精度ゲノムが初めて整備され、属内における進化的位置が明らかとなった。現在、適応進化に關与する遺伝子群の同定を進めており、今後の保全戦略への応用が期待される。



領域四分木を用いた空間トランスクリプトーム解析手法

相川哲哉¹, 杉山響¹, 繁田浩功¹, 梅谷俊治¹, 瀬尾茂人¹

¹大阪大学大学院情報科学研究科

近年、シーケンシング技術の進展により、遺伝子発現の空間情報を取得できるようになり、各転写産物を正しく細胞に割り当てるための細胞セグメンテーションが重要となっている。しかし、従来の画像ベース手法では細胞の認識精度が不足することが多く、解析精度の低下を招いていた。本研究では、領域四分木による空間分割を用いた近似的な細胞領域セグメンテーション手法を提案する。提案手法は、転写産物の分布に基づき領域を再帰的に分割し、非負値行列因子分解により次元削減を行ったうえでスコアリングとクラスタリングを同時に実施する。評価の結果、従来手法と比較して転写産物のカバレッジが向上し、クラスタリング精度においても同等以上の性能を示した。さらに、分割結果から得られた発現特徴を解析したところ、細胞型ごとの空間的パターンを抽出できることを確認した。以上より、本手法は空間トランスクリプトーム解析における有効な戦略となり得ると考えられる。

島国の鳥類ゲノミクス：ニホンイヌワシの危機的状況

佐藤 悠^{1,2}, Emily Humble², Rob Ogden²

¹京都大学野生動物研究センター, ²University of Edinburgh

近年のゲノム解読技術の進展により、野生動物の集団遺伝学や保全遺伝学といった研究分野でも全ゲノムに基づく遺伝解析（全ゲノム解析）が主流になりつつある。本研究では国内希少種であるニホンイヌワシ（*Aquila crysaetos japonica*）ならびにその亜種である英国を中心とした欧州各地のイヌワシ（*A. c. crysaetos*, *A. c. homeyeri*）、さらに北米亜種（*A. c. canadensis*）を対象に全ゲノム解析をお行った。

解析の結果、ニホンイヌワシの遺伝的多様性は、かつて絶滅寸前まで個体数が減少した英国のイヌワシと同程度であり、他地域のイヌワシよりも低いことが明らかとなった。また近親交配が進行していることも示唆された。英国個体群が現在は約 1,000 羽まで回復しているのに対し、ニホンイヌワシは約 500 羽と推定され、減少を続けている。そのため、本種は世界で最も絶滅に近いイヌワシであり、保全の優先度が極めて高いと考えられる。

従来の mtDNA や核 DNA のマイクロサテライトを用いた遺伝解析では、ニホンイヌワシの遺伝的多様性は一定程度維持されていると報告されてきた。しかし、全ゲノム解析により、本種が極めて危機的な状況にあることが明らかとなった。



TIP-ChIP: 少量サンプルに適したハイスループット ChIP-Seq 法

富樫和也¹、Sarah Taylor²、Shuxiong Wang²、Shakiba Mahmoudi²、Justin Cayford³、Terry Kelly³、Brian Egan²

¹ アクティブ・モティフ株式会社、² Active Motif, Inc., ³ VolitionRx Ltd.

TIP-ChIP は従来の ChIP-Seq に比べ優れた利点を持つハイスループットなクロマチンプロファイリング法である。まず 96 ウェルプレート各サンプルに Tn5 トランスポゼースでタグメンテーションを行う。ウェル固有のバーコードとアダプターにより、混合後もサンプルの由来を識別できる。また、複数ウェルをまとめて ChIP 反応を行うことにより、少数細胞の解析を可能とした。この合理化されたワークフローは効率性を高めつつバッチ効果を低減し、再現性を向上させる。今回、TIP-ChIP により複数サンプルで H3K27ac と H3K4me3 のプロファイリングを行い、解像度を損なわずサンプルを正確に分離しつつ、高い特異性と感度を維持できることを示した。さらに、異なる処理条件下のヒト好中球における H3K27ac の解析も行い、条件依存的なダイナミックな変化を検出可能であることを実証した。

	TIP-ChIP の優位性	ChIP-Seq
1 サンプルあたりの細胞数	30 万～100 万細胞	100 万～1000 万細胞
データの安定性	ChIP 反応までの作業を多数同時に実行するため、サンプル間のばらつきが生じにくい。	複雑な作業を 1 サンプルずつ行うため、手技的にサンプル間のばらつきが生じやすい。
ライブラリー調製法	Tn5 により、サンプルごとに固有のバーコードとアダプターを挿入するため、1 組のプライマーセットによる PCR のみで完了	各 ChIP 済み DNA に対し、それぞれ異なるプライマーセットを用いたライブラリー調製作業が必要

非モデル系？NGS 解析：猫培養細胞の由来個体の姿とウニ性決定因子の予測

田中眼磨¹，中村寧音¹，後藤梨久都²，林玲碧²，久保田暁子²，坂本尚昭²，栗津暁紀²

¹広島大学理学部数学科，²広島大学大学院統合生命科学研究科

猫(イエネコ)は伴侶動物として最も多く飼育される身近な存在であり、ウニも高級食材として、または発生生物学の教材として多くの人に親しまれている。しかし生物学や獣医学の歴史を紐解くと、その親近感とは裏腹に猫もウニも「モデル生物」とは程遠いことがわかる。

例えば猫は同じ愛玩動物の犬と比べ、COXPRESdb (2023) 掲載の RNA-seq データ量が 1/10 程度しかないなど、研究蓄積が少ない。またウニは、かつては初期発生のモデル生物とされてきたが、見た目から「医療への貢献は低い」と安易に判断された結果、もはや「モデル」とは呼べないほど研究者が減り、性決定機序すら未解明のままである。

しかし猫の獣医療は今後人間社会でますます重要度を増すと予想される。またウニは進化系統樹上で新口動物-旧口動物分岐点近傍に位置し、その知見が広範な生物種の理解に寄与する「ハブ」的存在である。そこで本研究では、ゲノムおよびトランスクリプトーム解析を通じて猫とウニの研究基盤を構築し、両者の研究を加速させることを目指す。

シーケンスベースの空間トランスクリプトーム解析技術、Curioseeker およ び Nova-ST の導入

川越 凜^{1,2,3}, 笹川 洋平^{1,2}, 藤江 学⁴, 窪田-坂下 美恵³, 川満 真由美⁴, 新垣 奈々⁴, 矢野 実^{1,2}, 山根 万里子^{1,2}, 西岡 将基³, 加藤 忠史³, 二階堂 愛^{1,2}

¹東京科学大学総合研究院難治疾患研究所バイオデータ科学部門ゲノム機能情報分野, ²理化学研究所最先端研究プラットフォーム連携事業本部科学研究基盤モデル開発プログラムオミクス計算モデル開発チーム, ³順天堂大学大学院医学研究科精神・行動科学/医学部精神医学講座, ⁴沖縄科学技術大学院大学コアファシリティシーケンシングセクション

近年、空間トランスクリプトーム解析技術 (Spatial Transcriptomics: ST) は、組織における遺伝子発現の空間的情報を包括的に取得する手法として急速に発展している。ST 技術には大きく分けて、プローブ方式とシーケンス方式の 2 種類が存在する。プローブ方式は事前に設計した遺伝子のみを対象とするのに対し、シーケンス方式は polyA tail を利用して mRNA を捕捉するため、全遺伝子を対象とした網羅的解析や多様な生物種への適用が可能である。さらに配列情報を利用した多検体処理や scRNA-seq との統合解析にも適している。こうした利点を踏まえ、理想的には、広範囲解析・高解像度・低コスト・利用可能性を兼ね備え、必要なときに"on demand"で ST を行うための、プラットフォームが望まれる。

我々は、上記特徴を兼ね備えた ST プラットフォームを得るために、CurioSeeker (Curio Bioscience 社) [1]および NovaSeq 6000 フローセルを利用したプラットフォーム (Nova-ST / Open-ST / NovaScope) を導入した。特に Nova-ST は、昨年報告された新手法であり [2-4]、Visium と比較して 10 分の 1 以下の低コスト、広い解析面積 (1 cm × 1 cm)、高解像度 (600 nm) を兼ね備えている点から注目を集めている。しかし、大型シーケンサーを必要とする点から、国内での導入例は限られている。我々は、空間解析チップの準備、組織切片の薄切、NGS ライブラリ作製、専用パイプラインによるデータ解析といった、全ての工程を自前で行う体制を導入した。本発表では、マウス凍結脳切片を用いた導入例をメインに、当研究室におけるシーケンスベース ST 技術の実際の運用・ワークフローを紹介する。またこれらのプラットフォームをベースとし、高感度化や mRNA 全長解析への応用などについての開発状況も共有する。

参考文献：[1] <https://curiobioscience.com/seeker/> [2] Poovathingal et al., Cell Reports Methods, 2024. [3] Schott, M. et al., Cell, 2024. [4] Kim et al., Nature Protocols, 2024.

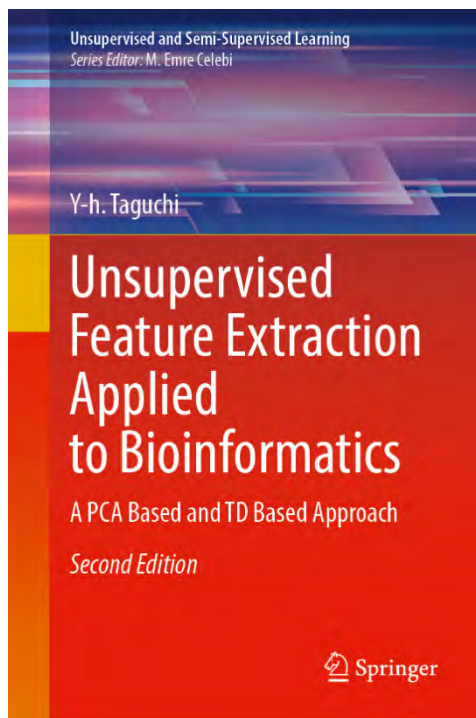
演題番号：40

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

田口善弘

中央大学理工学部物理学科

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。



フックス角膜内皮ジストロフィと筋強直性ジストロフィ 1 型に対する網羅的 RNA-Seq 解析の比較

湯浅太智¹, 奥村直毅¹, 吉永くるみ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

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,
³ University of Erlangen-Nürnberg, Department of Ophthalmology

【目的】フックス角膜内皮ジストロフィ (FECD) と筋強直性ジストロフィ 1 型 (DM1) は、それぞれ *TCF4* 遺伝子と *DMPK* 遺伝子の非翻訳領域における CTG 三塩基リピート伸長を特徴とするトリプレットリピート病である。伸長リピート転写産物は核内で RNA foci を形成し、*MBNL* 遺伝子をはじめとするスプライシング調節因子を捕捉して、広範なスプライシング異常を引き起こすことが、両疾患の病態の根幹をなすと考えられている。本研究では、FECD 患者の角膜内皮細胞と DM1 患者の心筋細胞に対する RNA-Seq 解析を行い、両疾患に共通、または特異的なスプライシング異常を明らかにすることを目的とした。

【方法】FECD 患者 6 名および健常対照者 7 名の角膜内皮細胞から得た RNA-Seq データと、公開データベースより入手した DM1 患者 11 名および健常対照者 3 名の心筋細胞の RNA-Seq データを解析対象とした。rMATS を用いて、各疾患群と健常対照群との間で差次的に制御されるスプライシングイベントを同定した。

【結果】健常対照群との比較により、FECD で 1,762 個、DM1 では 312 個の疾患に特徴的なスプライシングイベントを同定した。両疾患間で共通して異常を示した遺伝子は 14 個あり、その中にはスプライシング調節因子である *MBNL1*、*MBNL2* 自身が含まれていた。一方、FECD において病因と考えられる *TCF4* 遺伝子のスプライシング異常は、FECD 群でのみ認められた。

【結論】FECD と DM1 は、発症部位が異なるにもかかわらず、*MBNL* ファミリーの異常をハブとする共通のスプライシング制御破綻を分子基盤として共有している可能性が示唆された。FECD で特異的に見出された *TCF4* 自身のスプライシング異常は、角膜内皮細胞における疾患特異的な病態への関与が考えられ、今後のさらなる機能解析が重要な課題である。

KIT 膜貫通ドメイン近傍領域の選択的スプライシング制御機序とアイソフォーム発現特性

後藤梨久都, 坂本尚昭, 栗津暁紀
広島大学統合生命科学研究科

c-KIT は造血・幹細胞維持・配偶子形成・メラニン合成・肥満細胞の発生・遊走などのシグナル伝達を制御する膜貫通タンパク質である。また、c-KIT は選択的スプライシングにより、細胞外膜貫通領域近傍に位置する 4 アミノ酸の挿入/欠失によって特徴づけられるアイソフォームが産生される。KIT 遺伝子はがん遺伝子であることから疾患関連研究を中心に研究が行われているものの、各アイソフォームの発現特性の知見は乏しい。

そこで、哺乳類の生体全身における各アイソフォームの発現動態や選択的スプライシングの調節メカニズムを明らかにする目的で公共データベースからヒト・マウス・イエイヌ・イエネコ・ヒツジの組織網羅的な RNA-seq データ取得し、解析を行った。

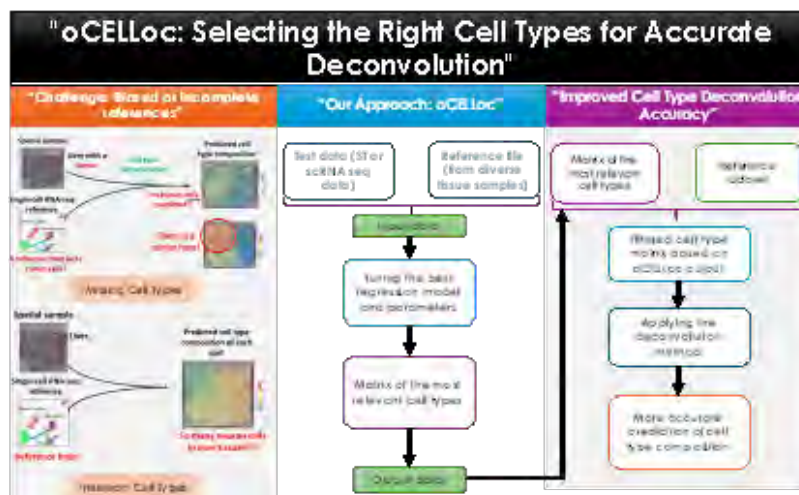
解析の結果、KIT アイソフォームの発現比は組織間で異なり、中枢神経組織では挿入アイソフォームが高い発現比を示す一方、その他の組織では両アイソフォームは共発現し、欠失アイソフォームが優位であった。さらに、HITS-CLIP 解析から、スプライシング制御因子 NOVA1/2 が、KIT pre-mRNA 上の当該ドメイン近傍に結合することを見出した。従って、KIT 遺伝子は RNA 結合タンパク質 NOVA1/2 による代替スプライスサイト選択制御を受け、組織種依存的にアイソフォーム発現パターンが切り替わることが示唆された。

oCELLoc: Optimizing Reference Cell Types for Single-Cell and Spatial Transcriptomics

Afeefa Zainab¹, Honcharuk, Vladyslav^{1,3}, Alexis Vandenberg^{1,2}

¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, ²Graduate School of Biostudies, Kyoto University, ³Graduate School of Medicine

Interpreting data from single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) and spatial transcriptomics (ST) requires precise cell type deconvolution. The quality of reference datasets is crucial for accurate cell type deconvolution in ST and (scRNA-seq). Researchers commonly use vast, heterogeneous scRNA-seq references for cell type deconvolution, which may consist of duplicate, irrelevant, or overlapping cell types. This creates serious problems since partial or biased references can result in inaccurate predictions of cell types, poor tissue complexity resolution, and ultimately decreased biological interpretability. Repetitive or unnecessary cell types are frequently found in large scRNA-seq references, which reduces biological interpretability and produces incorrect predictions. We introduce oCELLoc, a Lasso regression-based tool that automatically looks through many references to find the most relevant cell types. oCELLoc produces optimized references that improve the accuracy of deconvolution frameworks like RCTD, cell2location, and SingleR by pre-filtering irrelevant types. When used on human 10x Visium datasets, oCELLoc enhanced the interpretability and prediction accuracy by optimizing cell type selection in ST samples and label assignments in scRNA-seq. oCELLoc therefore offers a scalable and widely applicable reference optimization solution for spatial and single-cell omics research.



DeepSpaceDB 2.0: Challenges and solutions in collecting and unifying subcellular spatial transcriptomics data

Vladyslav Honcharuk^{1,3}, Alexis Vandenbon^{1,2}

¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, ² Graduate School of Biostudies, Kyoto University, ³ Graduate School of Medicine, Kyoto University

Subcellular spatial transcriptomics tools like 10x Genomics' Xenium In Situ generate large volumes of high-resolution molecular data, yet the research community faces significant challenges in systematically collecting and organizing these datasets for broader use. Building on our successful creation of DeepSpaceDB with over 2,000 10x Genomics Visium samples, we expanded it by integrating Xenium samples from major repositories such as GEO and the 10x Genomics website. Our systematic survey of over 500 potential datasets revealed substantial obstacles: inconsistent data sharing practices, heterogeneous file formats, incomplete metadata documentation, and frequent absence of critical files. While available data mostly consists of processed coordinate matrices, a substantial portion of datasets lacked essential components, rendering them unsuitable for integration and analysis. To address these challenges, we are developing novel data ingestion pipelines capable of handling this diversity and standardizing the data for easy usage. Our experience demonstrates the need for community-wide standards in spatial transcriptomics data sharing, particularly for high-volume datasets. DeepSpaceDB 2.0 represents an important step toward addressing these standardization challenges and provides a foundation for future large-scale data integration efforts in spatial genomics.

Evaluating HAC and SUP Basecalling Accuracy from Sheared DNA for Nanopore-Based *Salmonella* Typhi Surveillance in Resource-Limited Sentinel Hospitals

Hsu Thinzar Maung^{1,2}, Hiyoshi Hirotaka², Masamoto Morita⁴, Su Myat Han¹, Kohichiro Yoshiura³, Hiroyuki Mishima³, Toshio Kodama², Chris Smith^{1,5}

¹ School of Tropical Medicine and Global Health, Nagasaki University;

² Department of Bacteriology, NEKKEN, Nagasaki University; ³ Department of Human Genetics, GEKKEN, Nagasaki University; ⁴ NIID, Tokyo; ⁵ London School of Hygiene and Tropical Medicine.

Background: Although Oxford Nanopore Technologies (ONT) has been increasingly validated for bacterial genomic surveillance, most studies have relied on high-resource environments with optimized pipelines. Its broader adoption in low-resource settings, where the need is often greatest, remains limited due to a lack of powerful computing infrastructure and limited capacity for hybrid sequencing approaches. For low-resource sentinel sites, a practical question remains: can ONT sequencing with sheared DNA and CPU-only basecalling yield accurate results? In this study, we explored this question using *Salmonella* Typhi (*S. Typhi*), a slow-evolving, human-restricted pathogen with rising antimicrobial resistance, as a case study.

Methods: Three *S. Typhi* clinical isolates (Ty2, Ty42, Ty43) were sequenced using an ONT MK1B device and R10.4.1 flow cells under two DNA preparation conditions (sheared vs. whole) and two basecalling models (HAC vs. SUP) at 75x and 100x depths. Illumina MiSeq and hybrid (ONT+Illumina) assemblies were used for benchmarking. We performed structural evaluation, quality assessments, cgMLST profiling, and downstream analysis, including serotyping, genotyping, and AMR prediction.

Results: SUP 100x assemblies consistently produced the highest structural accuracy (lowest misassemblies, mismatches/indels), while HAC 75x remained within acceptable error margins. Allele profile from cgMLST data showed that SUP 100x, hybrid, and Illumina modes clustered tightly (0–6 allele differences), with HAC assemblies slightly diverging (0–17 alleles) across the strains. SNP distance matrices revealed concordance across all modes, with no discordant SNPs. Genotyping and serotyping results were identical across all modes. All assemblies lacked AMR determinants and matched phenotypic susceptibility profiles.

Conclusion: We demonstrated that ONT, when optimized with sheared DNA, 100x depth, and preferably SUP basecalling, can serve as a standalone solution for *S. Typhi* genomic surveillance. While SUP remains superior, HAC 75x assemblies were genotypically concordant and structurally acceptable, making it a feasible alternative in low-resource settings. This highlights ONT's potential with sheared DNA to decentralize bacterial surveillance beyond well-equipped laboratories.

フックス角膜内皮ジストロフィにおけるフェロトーシス関与の解明

沼尾太佑¹, 奥村直毅¹, 湯浅太智¹, 徳田雄市², 中野正和², 田代啓², Theofilos Tourtas³, Ursula Schlötzer-Schrehardt³, Friedrich Kruse³, 浦野泰臣¹, 小泉範子¹

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,

³ University of Erlangen-Nürnberg, Department of Ophthalmology

フックス角膜内皮ジストロフィ (FECD) は、角膜内皮細胞の進行性障害により視力低下をきたす疾患であり、多くの患者に *TCF4* 遺伝子イントロン領域の CTG の 3 塩基反復配列 (TNR) 異常伸長が認められる。FECD は病態の全容が未解明であり、これまでに酸化ストレス、小胞体ストレス、TNR に起因するスプライシング異常などの関与が報告されてきたが、近年、鉄依存性細胞死であるフェロトーシスが関与する可能性が示唆されている。

本研究では、FECD 患者の角膜内皮細胞におけるフェロトーシス関連経路の関与を、健常者と比較する RNA-Seq 解析により検討した。FECD 患者 10 検体と健常者 7 検体の角膜内皮を DESeq2 により比較した結果、1,081 遺伝子で発現上昇、1,319 遺伝子で発現低下が認められた。そのうち FerrDb を用いた解析により、118 遺伝子 (発現上昇: 31, 発現低下: 87) はフェロトーシス関連遺伝子に該当することが判明し、これらに対するエンリッチメント解析では、酸化ストレス応答や抗酸化機能との関連が示された。特に注目すべきフェロトーシス関連遺伝子としては、制御因子である *NFE2L2* を介した経路の機能不全と、その下流標的であるフェリチン (*FTL*, *FTH1*) の発現低下が認められた。さらにクラスタリング解析では、これらの発現変動は *TCF4* の TNR 異常伸長の有無に依存せず、FECD 患者群に共通して認められた。

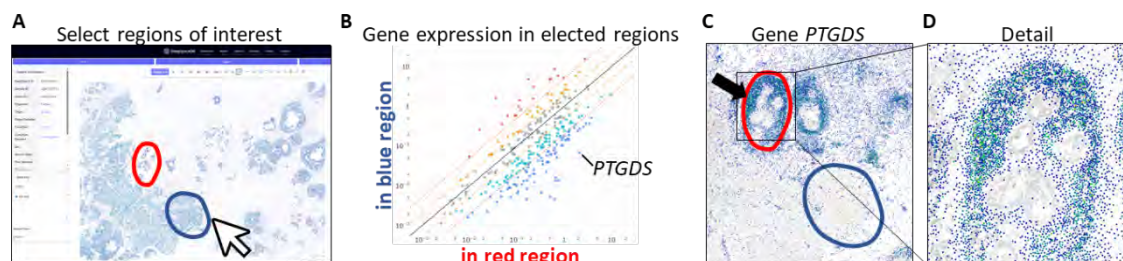
これらの結果より、FECD の発症には主要な遺伝的リスク因子である *TCF4* の TNR 異常伸長の有無にかかわらず、フェロトーシス防御機構の破綻が関与している可能性が示唆された。FECD は有病率が約 4% と比較的高いため、眼科領域に限らず、フェロトーシス研究の優れた疾患モデルとなりうる。従って本研究は、FECD の新たな病態解明と治療標的探索の基盤となるのみならず、フェロトーシス研究の発展にも資する可能性を有している。

DeepSpaceDB: an interactive spatial transcriptomics atlas spanning diverse tissues, conditions, and platforms

Honcharuk Vladyslav¹, Zainab Afeefa¹, Horimoto Yoshiya^{2,3}, Takemoto Keiko¹, Diez Diego⁴, Kawaoka Shinpei^{1,5}, Vandenbon Alexis^{1,6}

¹Institute for Life and Medical Sciences, Kyoto University, Japan; ²Department of Breast Surgery and Oncology, Tokyo Medical University Hospital, Japan; ³Department of Human Pathology, Juntendo University, Japan; ⁴Immunology Frontier Research Center, Osaka University, Japan; ⁵Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University, Japan; ⁶Graduate School of Biostudies, Kyoto University, Japan

Spatial transcriptomics enables the investigation of cellular organization within tissues and its links to gene expression and disease. However, this technology requires significant cost and bioinformatics expertise. Last year, we published DeepSpaceDB, a spatial transcriptomics atlas designed for intuitive exploration of public datasets. Our recently updated version includes 2,144 Visium samples covering a wide variety of tissues and conditions. Simultaneously, we have also collected and processed >600 publicly available Xenium samples. We have added an interface to the database that allows users to interactively and intuitively explore these Xenium samples. This includes visualization of single genes but also multiple genes, and clustering results. Users can also arbitrarily select multiple regions of interest and compare gene expression patterns between them. DeepSpaceDB is available at www.DeepSpaceDB.com.



データ駆動型線形離散力学系による時系列シングルセルデータ解析

人見花帆¹, 加藤有己^{1,2}

¹大阪大学 大学院医学系研究科・医学部 神経遺伝子学教室,

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

細胞の分化や細胞周期、摂動による変化など、細胞動態は多種多様で複雑であり、すべての細胞状態の遷移規則を、微分方程式などにより包括的に記述することは難しい。本研究では、最適輸送と動的モード分解 (DMD) を組み合わせ、現象を支配する方程式を仮定せずデータのみから推定する、線形離散力学系による細胞状態解析法を提案する。ここで、神経細胞を活性化する時間が異なる、マウス皮質細胞の時系列シングルセルデータ (Qiu et al. *Nat Methods* 2020) を用いて、提案手法を評価した。まず、細胞集団のクラスタリングから得られる、細胞型に対応する力学系の不動点 (発現量がわずかな状態) が、多くの場合、漸近安定である (発現量の時間発展がゼロに収束する) ことを示した (図 1)。また、各細胞型に対して、現在の発現量から未来の発現量を予測し、決定係数が平均で 0.838 という高い精度を達成した (図 2)。以上より、データ駆動型線形離散力学系は、定性的かつ定量的に、細胞状態の時間発展解析を行うことが可能なモデルであると考えられる。

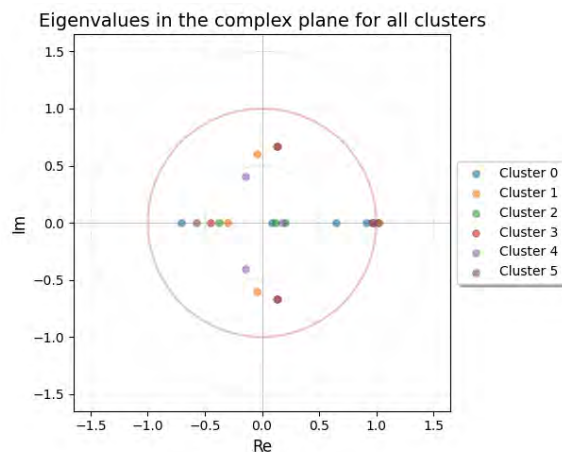


図 1 複素平面上の DMD 固有値

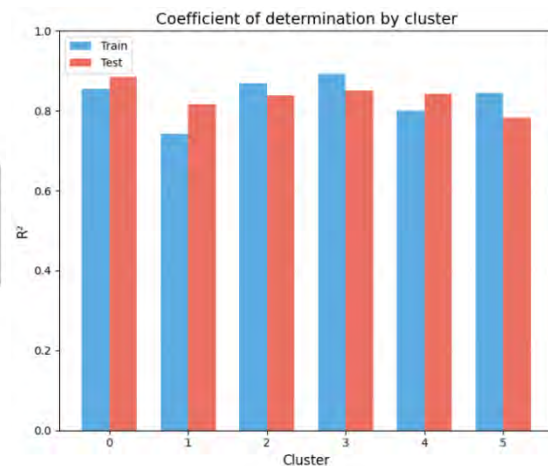


図 2 各細胞型の発現量予測に関する決定係数

精子形成不全マウスのエクソーム解析とジェノタイピングアッセイの構築

浅野 友香¹、松浦 宏治¹、森松 賢順²

¹岡山理科大学生命科学研究部生物科学科、²岡山大学大学院医歯薬学総合研究科

Spermatogenesis associated 31 (Spata31) 突然変異マウスは、ノックアウトマウス交配中に得られた個体で、精巣上体尾部内に精子が殆ど見られなかった。この個体肝臓のエクソーム解析(WES)を行ったところ、精子成熟に関わる遺伝子 *Spata31* に早期終止コドンが生じるナンセンス変異が入り、全長 (1014 aa) のうち N 末端側約半分 (p. R645*) の発現が示唆された。そこで、変異個所が分かったため、変異部位の確認を目的としたジェノタイピングアッセイを構築した。*Spata31* ノックアウトマウスは、精子数の減少と生殖細胞の管腔への早期排出を示し、*Spata31* は最終的に無精子症による男性不妊を引き起こす精巣特異的遺伝子と報告されている。現在、精巣、精子成熟と変異との関係性を検討している。*Spata31* の C 末端側には DNA 損傷に伴う DNA 修復に関係する PCNA-interacting domain が存在するために、精子形成はこのドメインの寄与があると考えられる。また、複数の *Spata31* のサブタイプがヒトでも発現しており、この遺伝子に変異が入ることにより、男性不妊が起こるリスクが示唆される。

フックス角膜内皮ジストロフィにおける Circular RNA の関与の解明

松岡樹生¹, 奥村直毅¹, 湯浅太智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
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

フックス角膜内皮ジストロフィ (FECD) は遺伝性角膜疾患であり、主因とされる *TCF4* 遺伝子のイントロン領域における三塩基繰り返し配列 (TNR) の異常伸長が引き起こす、RNA 代謝異常の発症への関与が示唆されている。一方、Circular RNA (CircRNA) は miRNA スポンジとして機能し、RNA 代謝異常を伴う疾患での関与が報告されているが、FECD での役割は不明である。

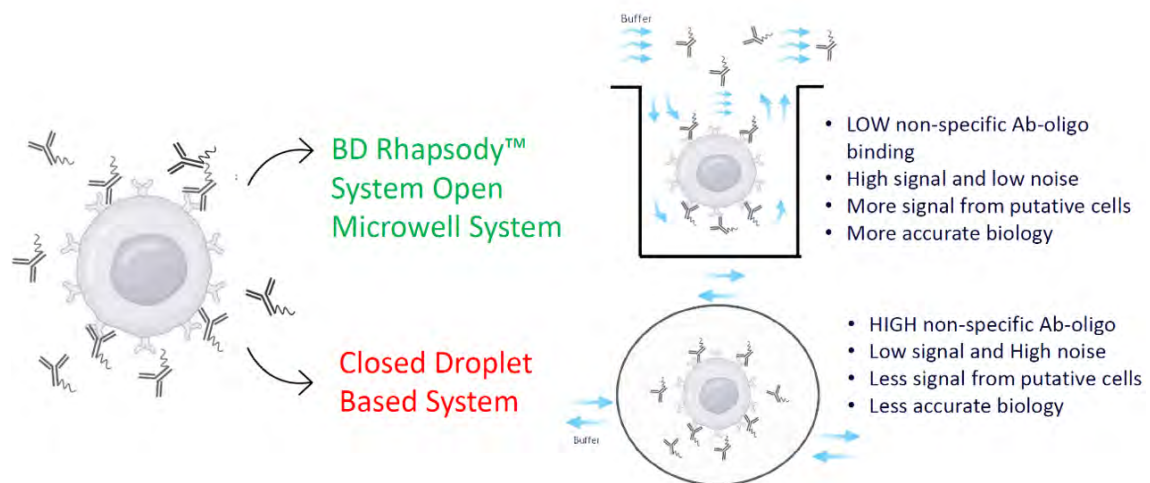
本研究では、RNA-Seq 解析によりその CircRNA の FECD に対する関与を検討した。FECD 患者を TNR 長により RE+群 (≥50 リピート, n=6) と RE-群 (<50 リピート, n=4) に分類し、健常者 (n=7) を含む角膜内皮細胞の RNA-Seq データを用いて、全遺伝子、および CIRI2・CIRCexplorer2 で検出した CircRNA に対し DESeq2 で発現解析を行った。その結果、健常者との比較で、RE+、RE-両群に共通して発現低下していた CircRNA を 30 個同定した。さらにそれら CircRNA の miRNA 結合部位・標的遺伝子を予測し、発現データと照合し、エンリッチメント解析で生物学的意義を評価したところ、結合が予測された miRNA の標的遺伝子が 1,556 個あり、そのうち 567 遺伝子の発現低下を認めた。バリデーションや機能評価などさらなる検討が必要であるが、CircRNA 発現低下は miRNA スポンジ機能を介して遺伝子発現制御に影響し、FECD 発症に関与する可能性が示唆された。

マイクロウェル型 BD Rhapsody™システムによる CITE-seq の高品質化とコスト削減

Cynthia Sakofsky¹, Amie Radenbaugh¹, Hye-Won Song², Manish Thakran¹,
Koki Shinbara³, Aruna Ayer¹

¹BD Biosciences Milpitas, ²BD Biosciences California, ³BD Biosciences Japan

CITE-seq (Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by sequencing) は、単一細胞レベルのタンパク質発現を検出する手法であり、遺伝子発現との同時解析により、より精密な細胞の機能的状態などの解明が可能です。しかし、従来のドロップレット型システムでは、未結合のオリゴ抗体が除去されず、バックグラウンドノイズの増加やシーケンスコストの上昇を招いていました。この問題を解決するため、本研究では BD Rhapsody™ マイクロウェル型シングルセルシステムを用いました。このシステムでは、ドロップレット型システムでは原理上困難な未結合抗体の wash のステップの導入が可能です。この wash ステップにより、未結合抗体の効率的な除去が可能となり、シグナル対ノイズ比の向上と有用なリードの割合の増加を確認しました。さらに、カートリッジ内での複数回洗浄により、プロテインデータの特異性と感度が大幅に改善されました。本手法は、CITE-seq の品質向上とコスト削減を両立する新たなアプローチとして有望です。



マイクロウェル型 BD Rhapsody™とドロップレット型システムの CITE-seq の違い

慢性低酸素モデルマウスにおける腎臓の遺伝子発現と細胞組成の変動

渡邊裕宣¹、泉崎謙介^{1,2}、内田有希¹、見代健太^{1,2}、中野僚太³、細沼雅弘⁴、
鬼丸洋¹、山崎喜貴⁵、上條翔太郎³、吉川輝⁶、小口達敬⁴、泉崎雅彦¹

¹ 昭和医科大学医学部生理学講座生体調節機能学部門、² 昭和医科大学藤が丘病院呼吸器内科、³ 昭和医科大学大学院薬学研究科生理学分野、⁴ 昭和医科大学医学部薬理学講座医科薬理学部門、⁵ 昭和医科大学大学院薬学研究科毒物学分野、⁶ 昭和医科大学保健医療学部保健医療学教育学

呼吸器系疾患に伴伴する慢性低酸素症は腎障害を惹起するが、その機序は十分に解明されていない。本研究では、慢性低酸素モデルマウスを用いて腎臓の遺伝子発現解析を行った。8週齢 C57BL/6J マウスを、大気群（21% O₂）または慢性低酸素群（10% O₂）に分け、28日間飼育した。両群の腎組織に対し、bulk RNA-seq 解析を実施し、Gene Ontology 解析および Deconvolution 解析を行った。慢性低酸素群では、大気群と比較して 399 遺伝子（上昇 183/下降 216）が変動し、腎線維化に関連する細胞外マトリックス形成の Biological process が抽出された。Deconvolution 解析では、慢性低酸素群においてマクロファージおよび血管内皮細胞の構成比が増加し、遠位尿細管細胞の構成比が有意に減少した。これらの細胞種では、線維化（*Tgfb3*等）や炎症（*Nfkbz*等）関連遺伝子の発現上昇が認められた。本結果は、慢性低酸素は腎臓における線維化関連遺伝子や炎症関連遺伝子の発現変化、および特定細胞種の構成比変動を伴うことが示された。

ショートリード NGS による変異解析に無謬性はあるか？

丹下 正一郎、井戸川 雅史、征木 喜晴

札幌医科大学医学部ゲノム予防医学講座ゲノム医科学分野

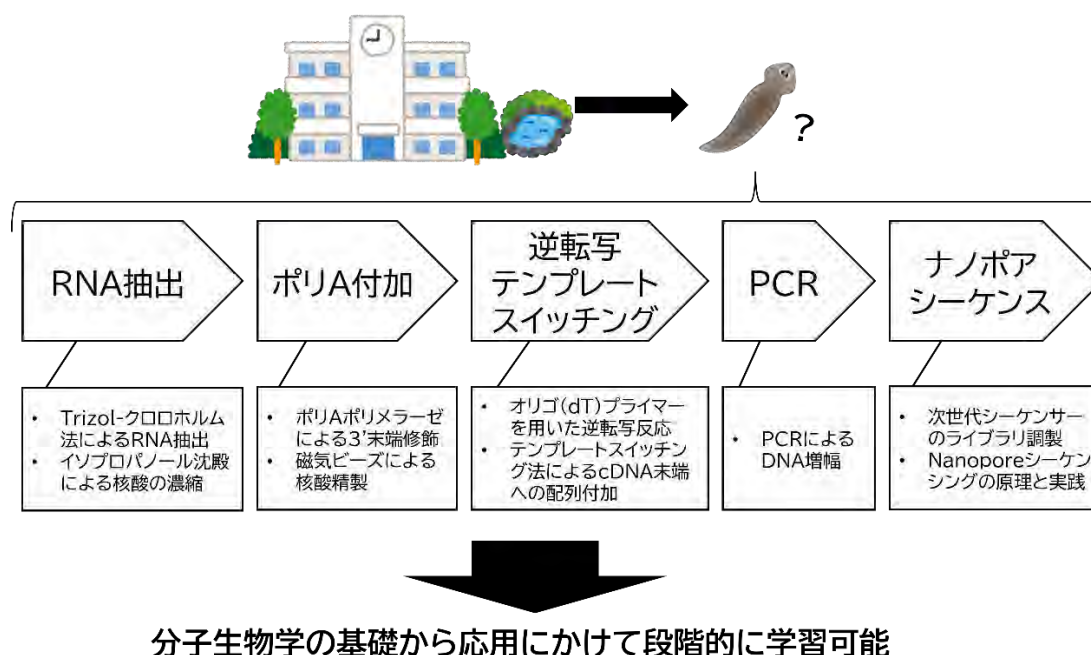
現在使用されているがんゲノム解析ツールは、参照ゲノムとして GRCh37 または GRCh38 の情報に基づいて構築されている。2022 年、ロングリードシーケンサーで得られた配列情報に基づく新たな参照配列 T2T-CHM13 が公開された。Bailey ら (Science, 2003) の報告によれば、この T2T-CHM13 は従来の参照ゲノムでは同定されていなかった複数の染色体上の配列を解読している。我々は、市販のシーケンス解析ツールが T2T-CHM13 配列上において相同な配列を *in silico* 環境で解析した。その結果、想定される遺伝子の領域以外にもライブラリ調製ツールで使用するプローブやプライマーと高い配列相同性を示す領域が複数存在することが判明した。特に acrocentric 染色体の短腕においてこの傾向が顕著であった。この結果は、複数のライブラリ調製ツールにおいて想定しない遺伝子座に由来するバリエーション情報を取得しうる可能性を示唆している。

高校生の探究活動から生まれたナノポアシーケンサーを用いた生物教育プログラム

宇部颯悟¹，西塚風太²，鹿島誠¹

¹東邦大学理学部生物分子科学科，²東京都立墨田川高等学校

本プロジェクトでは、高校生からの「学校の池のプラナリア種同定」の相談を契機に、ナノポアシーケンサーFlongleを用いた種同定法を開発した。豊富なりボソーム RNA (rRNA) に着目し、ポリ A ポリメラーゼによる 3'末端修飾を利用することで oligo dT プライマーによるマルチプレックスと逆転写を可能にした。これにより、DNA バーコーディング法のような遺伝子領域に合わせたプライマー設計を必要としない高い汎用性を備えている。本手法の教育的価値は、高校生物の RNA・酵素の基礎から、テンプレートスイッチング技術やナノポアシーケンシングといった大学以上の発展的内容を生きた知識として学習できる点にある。また、Flongle のリアルタイム配列解読によりフローセル内での様子が直感的に理解できる点も挙げられる。実際に高校の池のプラナリア種同定に成功しており、今後はバーコード技術によるマルチプレックス化で、多人数を対象とした実験教室への展開も可能である。一人の高校生の探究心から始まった本プロジェクトは、NGS 技術を活用した新たな教育プログラムとしての効果が期待される。



再利用・自家調製を活用した低コストで高感度な scRNA-seq 法・TAS-seq2 eco の開発

天海花菜¹，鹿島誠¹

¹ 東邦大学理学部生物分子科学科

scRNA-seq は 1 細胞レベルで遺伝子発現を網羅的に解析できる先端技術だが、実施するには専用機器や高価な試薬が必要で、1 回あたり数十万円以上のコストがかかるため気軽に実験できないのが実情である。そこで本研究では、既存の scRNA-seq 法である TAS-seq 法を改良し、低コストで高感度な「TAS-seq2 eco 法」を開発した。TAS-seq2 eco 法では、BD 社の Rhapsody を元に、試薬の自家調製やシングルセル化で使用するカートリッジの再利用、mRNA をキャプチャするビーズ使用量の可変などを行い、従来比 2000 細胞で 1/10、10000 細胞で 1/2 のコスト削減を実現した。実際にプラナリア 10000 細胞を約 15 万円で解析し、1 細胞あたり平均 1250 遺伝子・最大 10000 遺伝子を検出、40000 リードあたりの検出分子数(UMI)が20000 であり、既存法(10x 社の chromium)と比較しても同等以上の性能を示した。また各クラスターのマーカーも検出でき、Heatmap も描けていることから、TAS-Seq2 eco 法が scRNA-seq として機能することが確認できた。本発表では、TAS-Seq2 eco の利便性や他の生物種での実用性に関して議論したい。

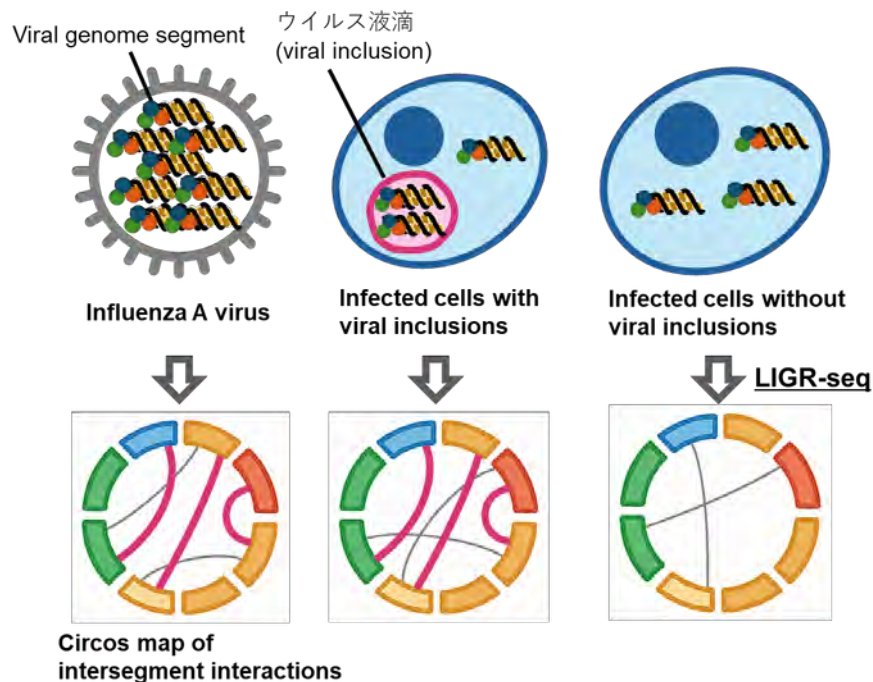


網羅的 RNA-RNA 相互作用同定法 LIGR-seq によるインフルエンザウイルス ゲノム分節集合の時空間的解析

滝沢 直己

微生物化学研究所

インフルエンザウイルスは 8 本に分節化されたマイナス鎖一本鎖 RNA ゲノムを持ち、1 粒子に 8 種 8 本のウイルスゲノムが 1 セット取り込まれている。ゲノム分節は感染細胞内でウイルスタンパク質と宿主タンパク質から形成されるウイルス液滴内で共局在することが報告されている。しかし、この共局在は分節間の直接的な RNA 相互作用によるものかは不明である。本研究では網羅的 RNA-RNA 相互作用同定法である LIGR-seq を改良し、感染細胞内における分節間相互作用形成を解析した。種々の条件で LIGR-seq を実施した結果、1) 感染細胞内でウイルス粒子内と同様の分節間相互作用が形成される、2) ウイルス液滴が形成されない場合、分節間相互作用は検出されない、3) 分節間相互作用はウイルスゲノム濃度依存的に形成されることを明らかとした。これらの結果は、感染細胞内でウイルス液滴の形成に伴いウイルス粒子内と同様の分節間相互作用が形成されることを示唆しており、ウイルス粒子への 8 種 8 本の分節選別に関わる新たな機構を提案する。



演題番号：57

ペーパーワークを過去にするシーケンスリクエスト DX のご紹介

郷之丸 美沙子, Albert Murzabaev, Benedict Maralit, Teoman Deger, 川満 真由美,
饒波 愛, 藤江 学, 新垣 奈々
沖縄科学技術大学院大学 シーケンシングセクション

OIST シーケンシングセクション (SQC) は、多様なシーケンシングサービスを提供するコアファシリティである。SQC では、ライブラリの核酸抽出からライブラリ調整そしてシーケンシングまでの一貫したサービスを、Illumina 社、Pacific Biosciences 社、Oxford Nanopore 社の 3 つの異なるプラットフォームで展開している。年間 200 件近くに達するリクエストは、従来メールベースの手作業に依存し、予算権限者の承認、ユーザーとの連絡、チーム内の進捗管理、費用の振替処理などが大きな負担となっていた。この課題に対し、我々は汎用性及び費用対効果の低い専用システムを導入するのではなく、OIST で既に活用されている Microsoft Forms や Planner といった汎用ツール群を Power Automate で連携させ、リクエスト受付から完了まで一連のプロセスの自動化を行った。さらに、チーム内外のコミュニケーションや実験ノートの共有基盤もクラウドへ移行し、属人化の排除とナレッジの蓄積を推進した。

これらの LabDX の取り組みにより、手作業によるミスが大幅に減少し、スペシャリストが本来の実験業務に専念できる時間が増加した。本ポスターでは、これら一連の業務改革の具体的なアプローチと、その成果を共有する。

Carbon quantum dots for biomedical applications

Mahima Kumar¹, Shannmugavel Chinnathambi¹, Norhidaya Abu²,
Ganesh N Pandian^{1*}

¹ Institute for Integrated Cell-Material Sciences (WPI-iCeMS), Kyoto University.
Department of Molecular Engineering, Graduate school of Engineering, Kyoto
University

² Department of Medical Microbiology & Parasitology, School of Medical
Sciences, Universiti Sains Malaysia

Quantum dots, which won the Nobel Prize in Chemistry, have recently gained significant attention in precision medicine due to their unique properties, such as size-tunable emission, high photostability, efficient light absorption, and vibrant luminescence. However, there is a growing demand to identify new types of quantum dots from various sources and explore their potential applications as stimuli-responsive biosensors, biomolecular imaging probes, and targeted drug delivery agents. Biomass-waste-derived carbon quantum dots (CQDs) are an attractive alternative to conventional QDs, which often require expensive and toxic precursors, as they offer several merits in eco-friendly synthesis, preparation from renewable sources, and cost-effective production. In this study, we evaluated carbon QDs derived from biomass waste for their potential application as non-toxic bioimaging agents in various cell lines, including human dermal fibroblasts, HeLa, cardiomyocytes, induced pluripotent stem cells and in the *in-vivo* medaka fish (*Oryzias latipes*) model. The resulting CQDs are therefore non-cytotoxic and in future, we plan to construct the programmable SMART-TF(transcription factors) for various biological applications.

シーケンシングコアファシリティの NGS Tips あれこれ

川満 真由美、Albert Murzabaev、Bendict Maralit、Teoman Deger、饒波 愛、
郷之丸 美沙子、藤江 学、新垣 奈々
沖縄科学技術大学院大学 シーケンシングセクション

OIST シーケンシングセクション(SQC)は、大学のコアファシリティとして最新鋭のシーケンサーを用いて、主に学内の研究者に対して幅広いシーケンシングサービスを提供している。亜熱帯に位置する沖縄という特異な立地環境を背景に、海洋生物、昆虫、藻類、陸上植物といった非モデル生物からモデル生物に至るまで、多様な生物種を対象としたDNA/RNA 抽出、ライブラリ調整、シーケンシングを日々行っている。現在では 25 を超えるアプリケーションに対応し、生物種を問わず多様なサンプルを受け入れている。非モデル生物種の中には、既存のプロトコル通りではうまくいかない、難しくてかわいいサンプル(むずかわサンプル)も少なくない。そのような場合、既存のプロトコルをそのまま適用するのではなく、条件を見直し改変を重ねながら、試行錯誤を得て最適な手法を模索していく。このような工夫や知見 (Tips) は重要でありながら、十分に共有されていない。そこで本ポスターでは、これまでの取り組みで得られた小さな工夫や知見、さらには効率的なライブラリ調整の方法を紹介し、多様な生物のシーケンシング成功の一助になりたい。

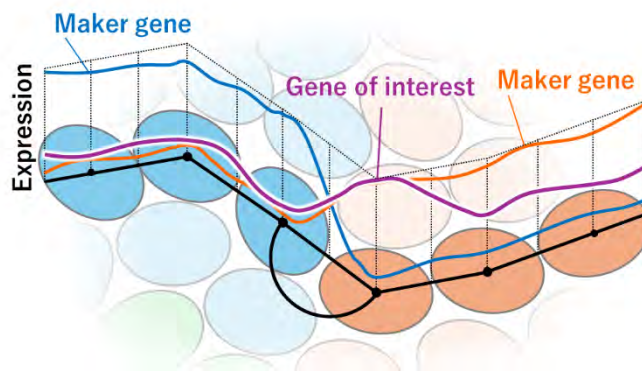
SPACELLINK: 細胞間相互作用に基づく発現解析のための空間トランスクリプトームツール

山崎 将太郎

大阪大学 バイオインフォマティクスセンター RNA 情報学グループ

Visium HD に代表される高解像度空間トランスクリプトーム技術の登場により、組織構造と遺伝子発現の関係を細胞スケールで可視化することが可能となった。しかし得られるデータの多くは bin（小領域）単位であり、細胞境界にとらわれない高精度な空間的発現解析に有効である一方、細胞型間の差次的発現や細胞間相互作用の解析には細胞単位でのデータが適している。しかし、細胞単位の解析には「細胞セグメンテーション」と呼ばれる処理が必要となり、解析の容易さから bin 単位に限定した解析も多く、得られたデータを十分に活用しきれていないのが現状である。

本研究では、既存ツールによるセグメンテーション結果を基盤とし、組織構造解析、細胞型間の差次的発現解析、細胞間相互作用に関連した発現解析などを可能にするツール「SPACELLINK」を開発した。試験的に公開データを解析した結果、特定の細胞と隣接する場合にのみ高発現を示す遺伝子群を同定することに成功した。本発表では Squidpy による bin 単位解析と比較しながら、SPACELLINK によって得られた成果を報告する。



二種類の細胞が隣接する場合の模式図。細胞 A（青）のマーカー遺伝子は細胞 B（橙）との境界付近で発現量に変動し、細胞 B 側も同様の変化を示す。さらに、細胞 B が細胞 A と隣接する場合にのみ誘導される遺伝子を持つ場合、紫のような特異的な発現パターンが観察される。SPACELLINK は複雑な隣接関係に基づいて細胞を網羅的に同定でき、それらの発現比較から、このような遺伝子を探索できる。

百日咳発作マウスモデルによる宿主・病原体応答の統合トランスクリプトーム解析と咳発作メカニズムの解明

鈴木孝一朗^{1,2}、元岡大祐^{1,3}、堀口安彦⁴

¹大阪大学 微生物病研究所 BIKEN ゲノム解析協働研究所、²(一財)阪大微生物病研究会³、大阪大学 微生物病研究所 ゲノム解析室、⁴大阪大学 微生物病研究所 人獣共通細菌感染症研究グループ

百日咳は百日咳菌の上気道感染による強い咳発作を主症状とする呼吸器感染症であり、ワクチン効果低下や抗原変異株の出現により再興が懸念される。しかし、咳発作を引き起こす分子メカニズムは未解明である。我々は C57BL/6 マウスを用いて咳発作を再現可能な百日咳モデルを開発し、咳発作責任因子として百日咳毒素(PTX)と Vag8 を同定した。発症メカニズムの手掛かりとして、C57BL/6 マウスで誘発される咳発作が Balb/c マウスでは誘導されない点に着目し、本研究では当該モデルを用いて発症群(C57BL/6)と非発症群(Balb/c)の肺・気道における宿主応答と高発現病原体因子を RNA-seq で比較解析した。発症群では、炎症・IFN 応答(Cxcl9、Cxcl10、Ifng、Gbp2)、インフラマソーム(Nlrp1a/b、Pycard)、上皮修復(Krt6a、Areg)、抗菌防御(Reg1、Defb 群)、神経・知覚関連(P2rx3、Tubb3、Gap43、Calcb)など多様な遺伝子が非発症群より顕著に上昇していた。特に P2rx3 は感覚ニューロンの ATP 応答を介して咳反射に直接関与すると考えられた。一方、Nos1、Adrb3、Ckm、Cftr、Il4 などの抑制性シグナル・神経修飾関連遺伝子は低下し、炎症応答増幅と呼吸神経感受性亢進が咳発作誘発の分子基盤を形成する可能性が示唆された。

病原体側では、百日咳毒素(ptxA-E)、付着因子(fhaB、fim2、fimA)、補体阻害因子(brkA、vag8)、Type III/IV 分泌系、分子シャペロン(DnaK、GroEL)、鉄輸送・代謝関連因子(bhu/alc/fec 群)が高発現していた。これらは宿主上皮への付着維持、感染安定化、毒素輸送効率化、酸化ストレス耐性強化や栄養獲得を介して宿主応答を増幅し、炎症および神経回路過興奮に寄与すると考えられた。特に PTX は Gi タンパク質の ADP リボシル化により抑制性シグナルを破綻させ、Vag8 は補体阻害によって感染を持続させることで、急性神経回路過興奮と慢性炎症亢進が協調的に進行することが示唆された。

これらの統合解析により、PTX による抑制性シグナル阻害と Vag8 による感染持続が相乗的に作用し、咳回路過興奮を形成して咳発作を持続させることが示唆された。現在、空間トランスクリプトーム解析を用いた感染局所での宿主-病原体相互作用の可視化を進めており、咳発作の分子基盤解明をさらに深化させることを目指している。本研究は百日咳発作に関与する宿主応答遺伝子群の包括的理解を提供し、新規診断マーカーや治療標的探索への応用が期待される。

磁性ビーズ精製のピペットチップを使わない自動化

新垣 奈々、川満 真由美、Albert Murzabaev、Bendict Maralit、Teoman Deger、
饒波 愛、郷之丸 美沙子、藤江 学
沖縄科学技術大学院大学 シーケンシングセクション

磁性ビーズを用いた核酸精製の自動化は、次世代シーケンシングの前処理工程において不可欠な技術となっている。しかし、従来の自動分注機を用いた手法では、消耗品であるピペットチップのコスト、プラスチック廃棄物による環境負荷、そしてピペッティング操作に伴うクロスコンタミネーションが課題として残っていた。

本研究では、これらの課題を解決するため、ピペットチップを一切使用しない核酸精製自動化手法を検討した。本法はマグネットピンで磁性ビーズを移動させる機構を採用し、分注操作をプロセスから排除する。多くの既存装置ではプロトコルの改変が困難であるが、本研究で用いるシステムはユーザーによるプログラムの自由な構築・改変が可能である。この利点を活かし、我々は精製プロトコルを最適化した。

これにより、ハズオンタイムとプラスチック廃棄物の削減を可能にすると同時に、安定した核酸精製を実現する。当ポスターでは、本手法の原理と独自に最適化したプロトコル、そしてその性能評価について詳述する。

抗 CCR8 抗体による選択的な腫瘍内 Treg の除去は、活性化型 DC を介した抗腫瘍免疫応答を誘導する

萩原 征^{1,2,3}, 上山 あずみ^{3,4}, 中村 やまみ^{1,2}, 坂口 志文¹, 大倉 永也^{1,2}

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 大阪大学 医学系研究科 基礎腫瘍免疫学共同研究講座

³ 塩野義製薬株式会社 創薬研究本部 創薬開発研究所

⁴ 大阪大学 医学系研究科 臨床腫瘍免疫学共同研究講座

CCR8 は腫瘍内の制御性 T 細胞 (Treg) に特異的に発現し、抗 CCR8 抗体はその選択的除去を通じて抗腫瘍免疫を誘導する新規免疫療法として期待されている。一方で、抗 CCR8 抗体の薬効発現における抗原提示細胞 (APC)、特に樹状細胞 (DC) の関与は十分に解明されていない。そこで本研究では、抗 CCR8 抗体投与により誘導される DC と T 細胞の相互作用と、その空間的变化を明らかにすることを目的とした。担がんマウスに抗 CCR8 抗体を投与し、腫瘍由来の T 細胞および DC を単離してシングルセル RNA シーケンスを実施した。得られたデータに対して細胞間相互作用解析を行った結果、抗体投与により Ccl22, Ccr7, Il12b を高発現する活性化型 DC が、エフェクター T 細胞と強く相互作用していることが示された。さらに、Visium HD を用いた空間トランスクリプトーム解析により、免疫関連遺伝子を特徴とする領域が抗体投与群で顕著に増加し、これらに活性化型 DC が含まれることを見出した。また、抗体投与群において、抗原を取り込んだ活性化型 DC がリンパ節に移動し、活性化していることを確認した。加えて、リンパ節の T 細胞を解析したところ、抗体投与によりナイーブ Treg の割合増加、疲弊 CD8T の減少、抗原特異的 CD8T の増加が確認され、T 細胞機能の改善が示された。以上より、CCR8+Treg 除去は活性化型 DC の機能亢進を通じて T 細胞応答を促進し、抗 CCR8 抗体の薬効に寄与していることが示された。

Cell-Type deconvolution と多検体 RNA-seq を用いた維管束発生運命の動態解析

西村勇輝¹, 鹿島誠², 伊藤佑¹, 近藤侑貴¹

¹大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻 植物細胞運命制御研究室, ²東邦大学理学部

生物を形作る細胞の分化過程では、遺伝子発現をはじめとした細胞ごとの性質と、細胞集団の組成の双方が時間とともに刻々と変化する。そのため、時間軸に沿った解析による現象の把握が不可欠である。

しかし、実際の細胞分化のダイナミクスを追跡するには、未だ多くの課題が残されている。リアルタイムでトランスクリプトーム情報を得ることは難しく、近年のシングルセル RNA-seq 技術は、個々の細胞レベルでの分化動態に関する研究を大いに進展させたが、高時間解像度のデータを得るには様々な困難がある。また、細胞分化の時間的動態を明らかにするためには、再現性・定量性の高い細胞分化系を確立することが、何よりの前提となる。しかし、これも簡単ではない。

そこで本研究では、葉肉細胞から維管束細胞を高効率かつ同期的に分化誘導できる、シロイヌナズナの強力な維管束細胞誘導系「VISUAL」を採用した。誘導過程の解析には、低コストかつ高スループットな RNA-seq 法「Lasy-seq」を用いて個体別・多検体の時系列トランスクリプトームデータを取得し、細胞分化に伴う遺伝子発現動態を明らかにした。そして、このように得られた時系列バルクデータから細胞集団の組成に関する情報を抽出する手段として、シングルセルデータから細胞種の割合を推定する「Cell-Type Deconvolution」を適用した。これにより、バルクサンプル中の各細胞種の割合を定量的に推定し、その時間的な変化を可視化した。

本発表ではこれらの解析が、細胞の分化過程における動態解析の強力なツールであることを示すとともに、その妥当性および今後の拡張性を議論したい。

BD Cellismo™ Data Visualization Tool

シングルセルデータ解析をもっと手軽で直感的に!



直感的な操作性

ポイントとクリックでデータをグラフやプロットに可視化



ユーザーフレンドリー

導入コスト不要、コーディング不要



マルチオミクス対応

シングルセル RNA + タンパクデータセットを簡単に探索

製品詳細はこちらから



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いただけます

*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.
© 2025 BD. All rights reserved.
64-456-00





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

ナノポアシーケンス解析受託サービス

¥120,000~ (税別)

受け入れ可能サンプル

- 抽出 DNA (ゲノム / メタゲノム)
- 抽出 RNA (Total RNA / polyA+ RNA)
- PCR 増幅産物
- 組織検体、その他 (ご相談ください)

さまざまな解析ニーズに対応

- 全ゲノムシーケンス
- トランスクリプトームシーケンス
- ターゲットシーケンス
- ウルトラロングリード全ゲノムシーケンス

対応可能機器

- GridION
- PromethION



各種データ解析のみの受託にも対応

- de novo アセンブリー解析
- SNV / Indel 検出およびフェージング変異解析
- 構造変異解析
- 反復伸長変異解析
- メチル化解析
- 発現変動遺伝子解析
- 融合遺伝子解析
- 系統プロファイル解析
- アデノ随伴ウイルススペクター (AAV) 解析

GPU搭載 ナノポアデータ解析システム

¥850,000~ (税別)

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 (POD5) 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。

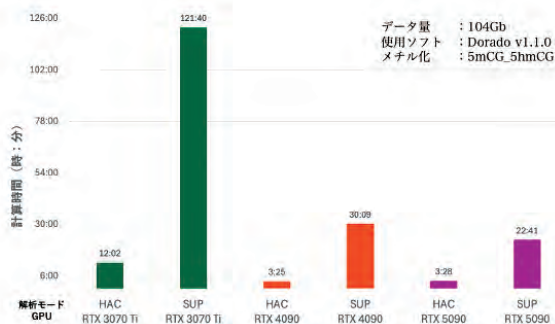
基本構成

- 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
 - ー ベースコール、バーコードdemultiplex、Duplexコール
 - ー シーケンスデータQC
 - ー 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)

ナノポアシーケンサーと接続し、その制御を行う場合の動作保証はいたしかねます。



ヒトWGSデータのベースコール+メチル化コールのGPU別計算時間比較



※価格や構成は販売時期により異なります。

お問い合わせ

customerservice@genebay.co.jp

株式会社ジーンベイ

〒222-0033 神奈川県横浜市港北区新横浜3-2-3 EPIC TOWER SHIN YOKOHAMA 2F
TEL: 045-534-7647 <https://genebay.co.jp/>

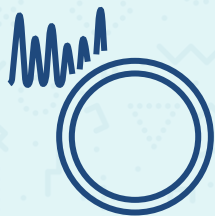


WE ARE
REBRANDED,
REENERGIZED,
& READY
FOR NGS EXPO 2025



マルチオミクス & 遺伝子合成ソリューション

基礎研究からバイオマーカー探索・遺伝子治療研究まで



全プラスミド配列解析
Whole Plasmid Sequencing



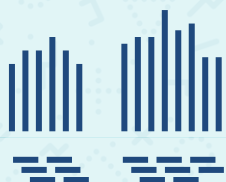
シングルセル解析
Single Cell Analysis



プロテオミクス
Proteomics



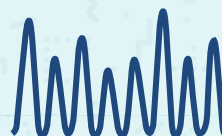
空間発現解析
Spatial Biology



ゲノミクス
Genomics



遺伝子発現解析
Transcriptomics



サンガーシーケンシング & PCR
Sanger Sequencing & PCR



遺伝子合成
Gene Synthesis



規制対応解析サービス
Pre-Clinical & Clinical



プラスミド調製サービス
Plasmid Preparation



カスタム抗体作製
Custom Antibodies



ウイルスパッケージング
Viral Packaging



GENEWIZ™は新ブランドとして生まれ変わりました

GENEWIZ™(アゼンタ株式会社)

〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号
NFパークビルディング4階

電話 : 03-6628-2950 (平日 9:00~18:00)

FAX : 03-6628-2951

メール : sales.japan@azenta.com

ウェブ : www.genewiz.com/ja-JP



SCAN HERE!

A high-output, production-scale sequencer with onboard analysis.



PromethION

What you're missing matters

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



**Oxford
Nanopore
Technologies**

Oxford Nanopore Technologies, the Wheel icon and PromethION are registered trademarks or the subject of trademark applications of Oxford Nanopore Technologies plc in various countries. Information contained herein may be protected by patents or patents pending of Oxford Nanopore Technologies plc. All other brands and names contained are the property of their respective owners. © 2025 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.



最もシンプルで、最速。 すべてのラボへ。

NGSを用いて、
同日中の結果と最短のハンズオンタイムにより
かつてないほど速く、より深い洞察が可能に

詳細はこちらから



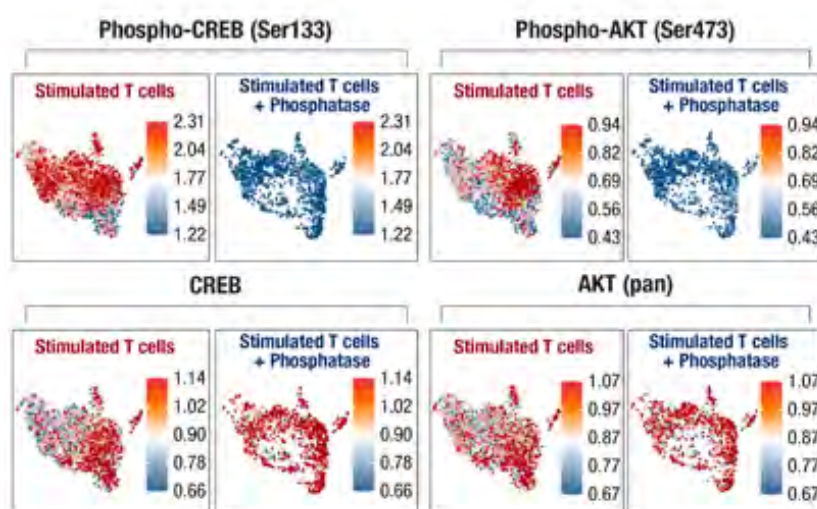
スペックシート





今までは得られなかった情報を InTraSeq™ シングルセル解析で取得

InTraSeq (**I**ntracellular Protein and **T**ranscriptomic **S**equencing) は、たった1回の実験で、疾患の発症に関わるシグナル伝達経路の特定や分子メカニズムの解明を可能にする新たな技術です。この技術は、数千個の細胞におけるRNAだけでなく、細胞内および細胞表面の両方のタンパク質を同時検出できるため、シングルセルレベルのトランスクリプトームを用いたシグナル伝達経路の調査を可能にします。



InTraSeqシングルセル解析は、以下を可能にします：

- 正確なRNAシグナルを維持したままでの細胞内シグナル伝達の解析
- シングルセルレベルのトランスクリプトームデータを用いた細胞内シグナル伝達の解析
- 均一なカバレッジ深度による検出困難な細胞の特定
- 1回の実験で複数の分子メカニズムの探索

© 2025 Cell Signaling Technology, Inc. All rights reserved. Cell Signaling Technology, CST, and InTraSeq are trademarks or registered trademarks of Cell Signaling Technology, Inc. All other trademarks are the property of their respective owners. Visit cellsignaling.com/trademarks for more information.

Subject to patents licensed from 10x Genomics, Inc. for use with single-cell (i.e., Chromium) 10x products.

For Research Use Only. Not for Use in Diagnostic Procedures. 25-ISQ-85151-JP



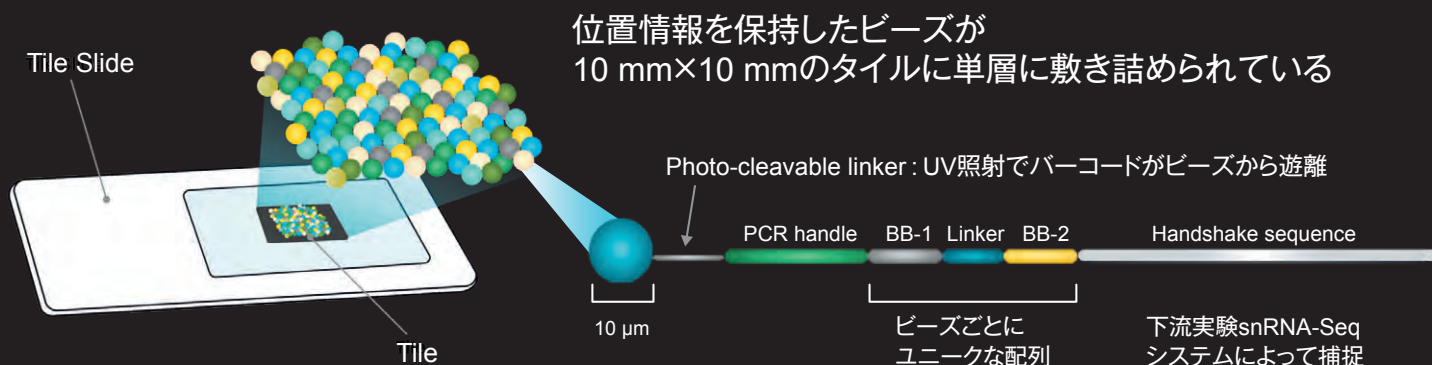
InTraSeqシングルセル解析の概要を見る
cst-science.com/intraseq-overview-jp



Cell Signaling
TECHNOLOGY®

専用装置不要！真のシングルセル空間トランスクリプトーム解析用試薬

Trekker™ Single-Cell Spatial Mapping Kit



凍結組織をタイルに貼り付け、核をDNAバーコードでタグ付けすることで、シングルセルの正確な空間解析が可能となります。

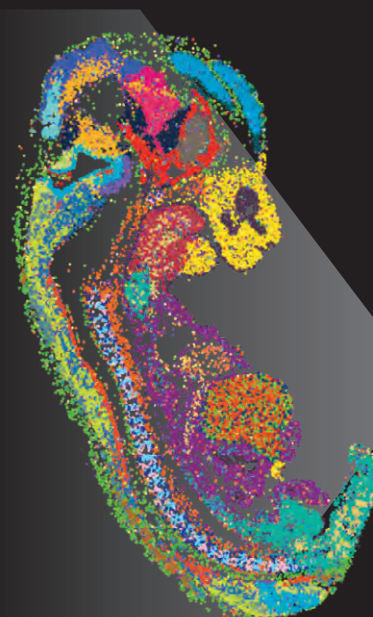
1 高価な専用装置は不要
kit

1 snRNA-Seqの上流に迅速なプロトコルを追加するだけ
hour

1 シングルセルの正確な位置を特定し、組織全体像を把握
location

Reveal intricate spatial patterns with accurate single-cell localization

製品の詳細はこちら



Clontech Takara cellartis

タカラバイオ株式会社

<https://www.takara-bio.co.jp>

KM069C改

PacBio●

ベンチトップロングリードシーケンサー

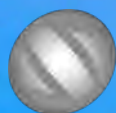
VEGA[★]



60Gb/ランの高精度HiFiロングリードを取得

- ・ 全長RNA解析
- ・ 全ゲノム解析
- ・ 微生物ゲノム解析

などを高クオリティで実施可能



Digital Biology[®] トミーデジタルバイオロジー株式会社



NGSベース

トランスクリプトーム/
マルチオミックス

装置不要！

- ・最大規模スケールのscRNA-Seq
- ・DNAバーコード使用 (sci-RNA-seq) 技術
- ・検体を1年保管OK
- ・細胞/核、大きいサイズの細胞にも対応 (～350umまで)

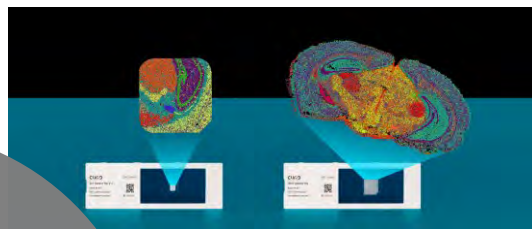


NGSベース

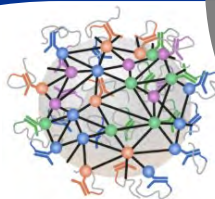
空間トランスクリプトーム/
マルチオミックス

装置不要！

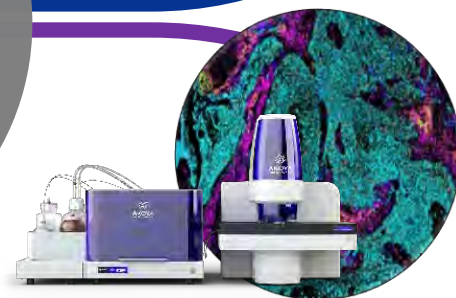
- ・直径10umのDNAバーコードビーズ
- ・隙間なく敷きつめたタイルスライド
- ・高密度・高解像度
- ・SeekerとTrekkerの2つのラインナップ

NGS
ベースPhenoCycler
空間解析

装置不要！



- ・タンパク質相互作用解析
- ・Proximity Network Assay (PNA) による分子レベルの3次元ナノスケールマップを作成 (空間分解能: 約50 nm)
- ・155種類の細胞表面マーカーの動的クラスター (極性) 検出

PIXELGEN
TECHNOLOGIES

- ・FFPEまたは新鮮凍結切片で～100種類のタンパク質を同時検出
- ・コンパクトなベンチトップ設計
- ・お手持ちの抗体にも対応
- ・細胞独自の自家蛍光を抑制
- ・RNA解析後のスライドも使用可

AKOYA
BIOSCIENCES
THE SPATIAL BIOLOGY COMPANY

NGSベース

空間細胞表面タンパク質

PhenoCycler

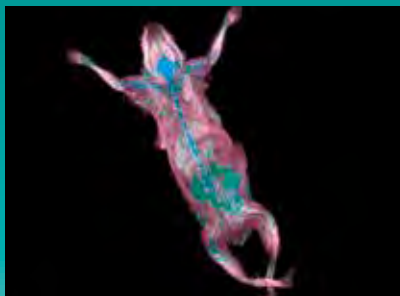
空間プロテオミクス



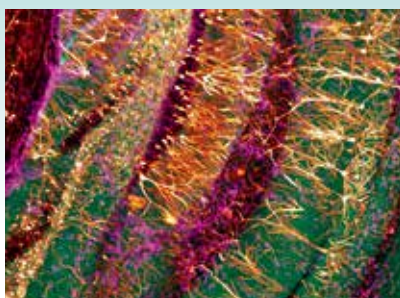
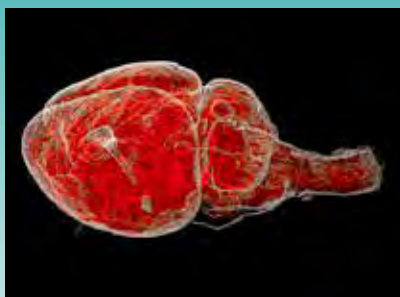


最高のユーザビリティの 光シート蛍光顕微鏡

UltraMicroscope Blaze™



Courtesy of Dr. Ali Ertürk,
iTERM, Helmholtz Zentrum München, Germany



- 透明化されたげっ歯類の全器官・全身サンプルの高速3Dイメージングに最適
- 複数サンプルのバッチ撮影処理対応
- 長作動距離・多浸液対応の独自の対物レンズ搭載
- マクロ観察からミクロ観察へスムーズな対物レンズの切り替え
- 大容量チャンバーと自動サンプルリリースによる容易なサンプルマウント

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。Blaze、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 © 2025 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

学術のお問い合わせ | 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

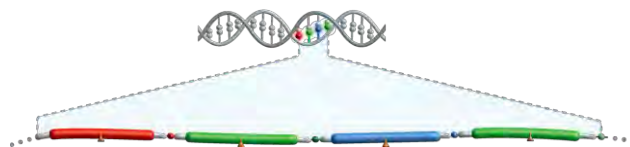
make

space

次世代シーケンシングに、新たな『スペース』を

これまでになかった新たな次世代シーケンシング技術、
Sequencing by Expansion-SBX-をロシュから。

ロシュのSequencing by Expansion (SBX) は、毎秒数億塩基という規模の高精度なシーケンシングを可能にする、全く新しいシーケンシング技術です。ロシュ独自の生化学的変換反応プロセスを利用して、DNAテンプレートの配列を拡張可能な代理高分子であるXpandomerにエンコードし、数百万もの生物学的ポアを備えた高密度相補型金属酸化膜半導体 (CMOS) ベースのセンサーモジュールで配列決定を行います。



全ゲノムシーケンス結果例（7検体を1時間シーケンシングした場合）



検体あたりのシーケンスdepth：
平均>30x



Duplexリード
クオリティ：
平均>Q40



10x以上で読まれる
ゲノム領域：
99.9%以上

SBXの最新情報はこちら

QRコードからロシュのグローバルウェブサイトへアクセスし、SBXの最新情報をご確認ください。このページでメールアドレスをご登録いただくと、コンテンツの更新などをメールでご案内いたします。



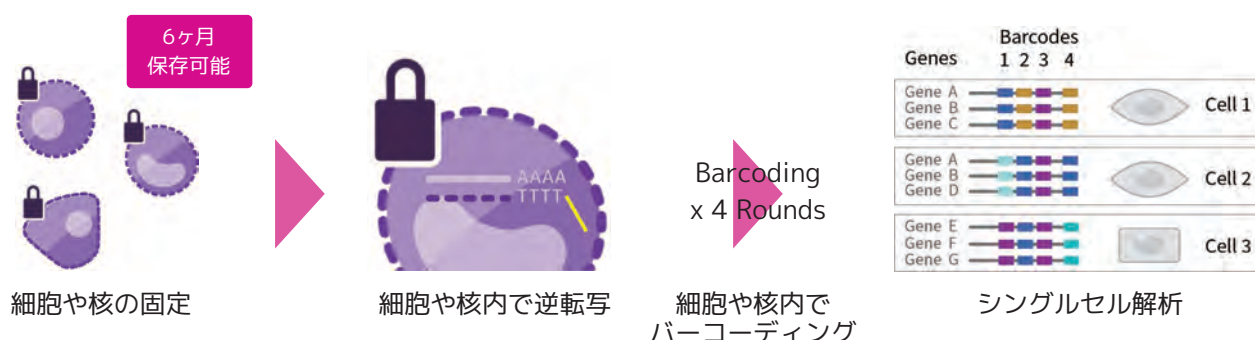
ロシュ・ダイアグノスティクス株式会社 〒108-0075 東京都港区港南1-2-70

<https://www.roche-diagnostics.jp> ☎ 0120-600-152

より多くの研究者にシングルセル解析を Parse Evercode™ WT

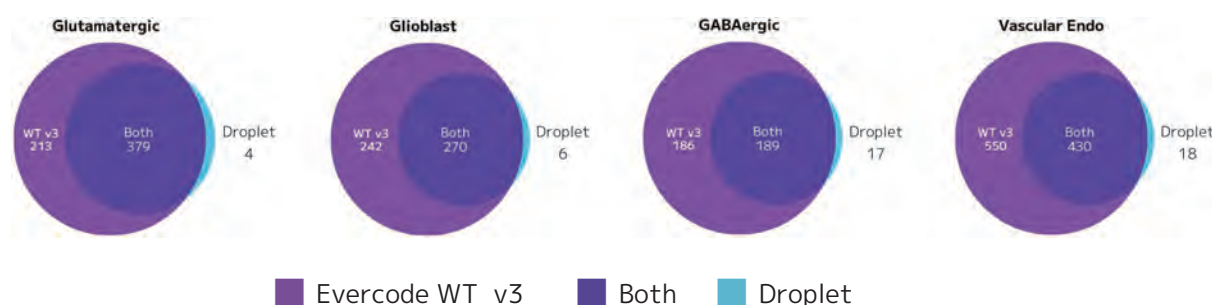
固定した細胞や核から逆転写ベースの Whole Transcriptome 解析

細胞 / 核を固定し、96 穴プレートに配置されたバーコード DNA の結合とプールのを繰り返すことで、最大 500 万細胞もしくは 384 サンプルのシングルセル解析が可能です



従来のドロップレット型に比べ、高い遺伝子検出力

これまでのシングルセルの主流であるドロップレット型と比較し
Evercode WT は高い遺伝子検出力を有することがユーザーからも報告されています。



輸入元

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

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 ライブラリ調整キットです。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整キット



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整キット



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・ライブラリ調整 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/SEQuoiaCP25-jp または、QR コードから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。

Bio-Rad and SEQuoia are trademarks of Bio-Rad Laboratories, Inc. in certain jurisdictions. All trademarks used herein are the property of their respective owner. © 2025 Bio-Rad Laboratories, Inc.

バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
mktop_jp@bio-rad.com | bio-rad.com/NGS



Z13193L 2508c

NEW マルチプロ[®] MultiPro[®] 抗体パネル

MultiPro[®] (マルチプロ) は、シングルセルタンパク質解析用のオリゴヌクレオチド標識抗体です。1細胞ごとの転写産物 (RNA) を解析するシングルセル RNA-seq (scRNA-seq) と同時に、MultiPro[®] のオリゴヌクレオチドを読み取ることで細胞表面と細胞内両方のタンパク質の発現解析を実現します。新製品である MultiPro[®] 「抗体パネル」は約340種類のオリゴヌクレオチド標識抗体で構成され、シングルセルマルチオミクス解析により得られる情報を最大化します。



シングルセルRNA-seqと統合可能

10x Genomics社
公式プロトコール検証済み

10x Genomics社 Chromium X/iX 適合

固定細胞用の シングルセル遺伝子発現Flex¹ によるscRNA-seqのワークフローに対応

▼ MultiPro[®] のワークフロー

染色ステップを追加するだけ！



¹: Next GEM・GEM-X Flex 検証済み

細胞表面 & 細胞内タンパク質の同時検出が可能！

約340種類 のオリゴヌクレオチド標識抗体を含む抗体パネルで細胞状態を網羅的に解析

▼ ターゲット数

細胞表面タンパク質
約110種類 + 細胞内タンパク質
約230種類

- ・分泌タンパク質
- ・リン酸化タンパク質
- ・シグナルタンパク質
- ・転写因子 ...等

▼ 1 rxn の構成内容^{*2}

細胞表面 (CS) 用
1 バイアル
+
細胞内 (IC) 用
1 バイアル
抗体カクテル

▼ 細胞内タンパク質の検出例



タンパク質発現データをmRNAの発現データと一緒に取得可能！

^{*2}: 実際の製品には1 rxn 分 (バイアル2本入り) のパウチを構成単位として、4 rxn の場合は4袋 (計8本のバイアル)、16 rxn の場合は (計32本のバイアル) が同梱されています。

ターゲット一覧リストは
ホームページより取得可能



品名	品番	包装	希望販売価格
MultiPro [®] Human Discovery Panel	G900150	4 rxn	¥583,000
		16 rxn	ご照会 ^{*3}

^{*3}: 都度お見積り品となります。お近くの販売代理店にお問い合わせください。

Proteintech Group, Inc. メーカー略号: PGI

MultiPro は Proteintech Genomics 社の商標、または登録商標です。

10x Genomics および Chromium は 10x Genomics 社の商標、または登録商標です。

Cell

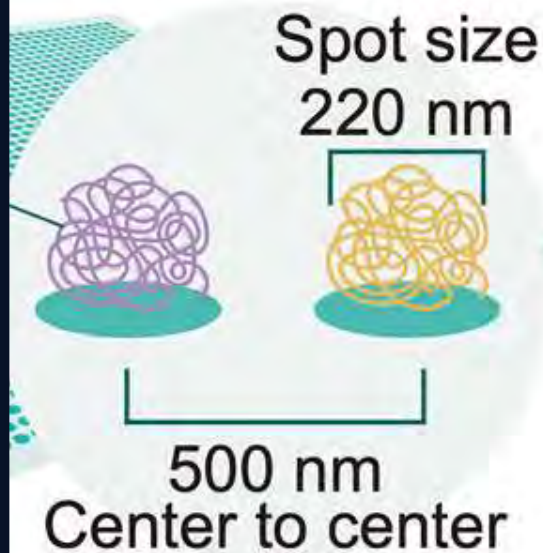
Volume 185
Number 10
May 12, 2022



CellPress

サブセルレベル 空間的遺伝子発現解析

Stereo-seq



国内受託ご紹介できます!

DNBSEQ-T1 +

1.2 Tb のデータ 約 24 時間

独立した2つのフローセル

Q40 > 90%



テラレベル
卓上シーケンサー

●輸入販売元
住商ファーマインターナショナル 株式会社
研究推進部 バイオサイエンスグループ

STOmics | MGI

本 社 〒100-0003 東京都千代田区一ツ橋一丁目2番2号
TEL: 03-5220-1520
Email: biosupport@summitpharma.co.jp

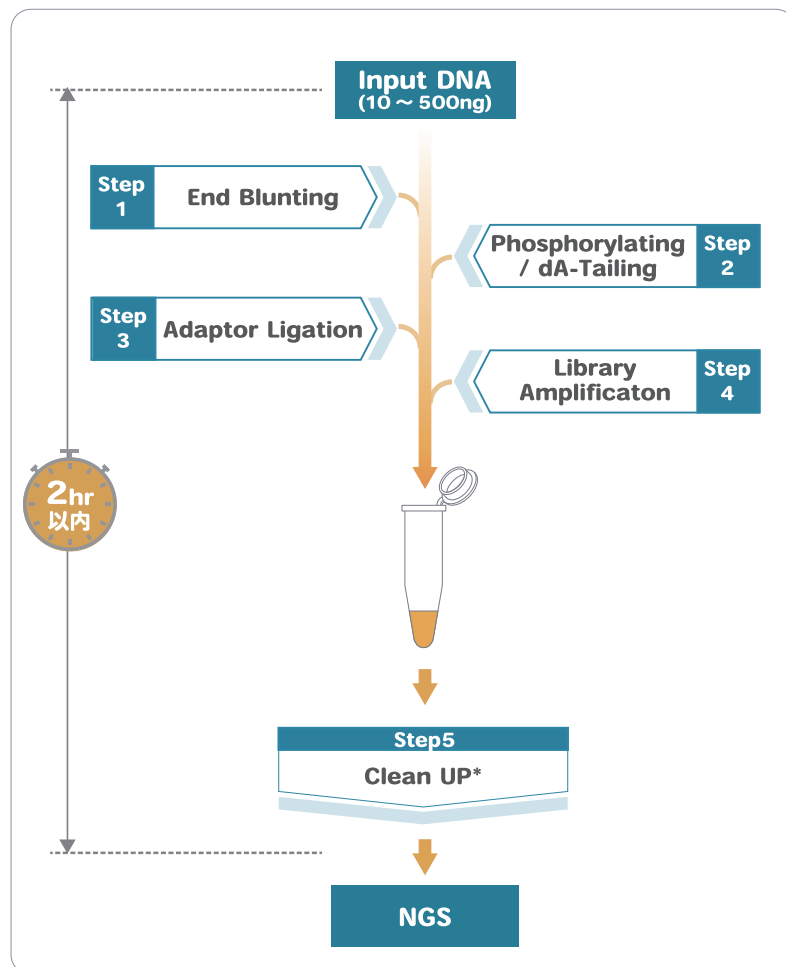
横浜サポート 〒230-0045 横浜市鶴見区末広町一丁目6番
センター 横浜バイオ産業センター 103号室

S P I
Summit Pharmaceuticals International
住商ファーマインターナショナル
Aug 2025

DNA-Seq用ライブラリー調製キット

GenNext[®]

NGS Library Prep Kit

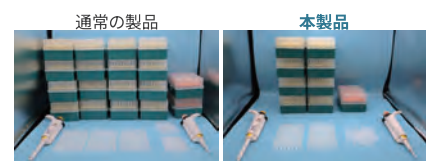
-KODEasy[®]-

* 本製品にはアダプターと精製用磁気ビーズは含まれておりません。
PCRフリーのワークフローにも対応しています。

Point 1 : 操作性の向上

Point 2 : 低バイアス増幅

Point 3 : 1 チューブで反応

Point 4 : 精製が 1 回
(簡便 : 使用チップ数の低減等)

◆操作性を大幅に改善! 簡便、かつ高効率に
ライブラリー調製が可能

東洋紡株式会社 バイオプロダクト営業部

<https://lifescience.toyobo.co.jp/>

(大阪)

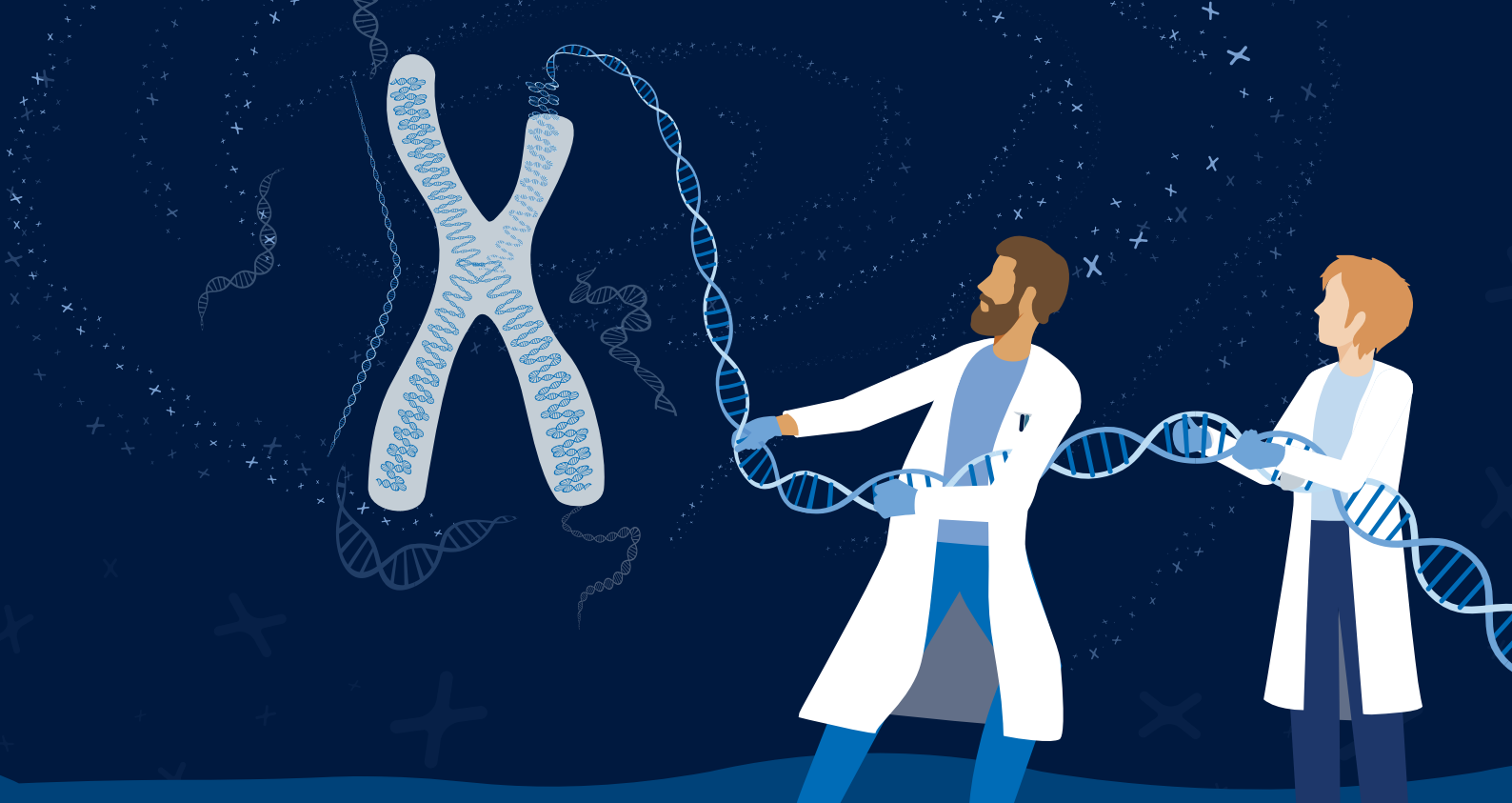
TEL 06-6348-3786 FAX 06-6348-3833
(e-mail) order_lifescience@toyobo.jp

(東京)

TEL 03-6887-8819 FAX 03-6887-8951
(e-mail) order_lifescience@toyobo.jp

(テクニカルライン)

TEL 06-6348-3888 FAX 06-6348-3833
(e-mail) tech_osaka@toyobo.jp



ロングリードシーケンスによる
複雑なゲノム領域の高精度かつ包括的な解析

QIAseq xHYB Long Read Panels

- ハイブリッドキャプチャーベースのパネル
- 高い完全性と均一なカバレッジ
- ロングリードプラットフォーム向けに最適化

HLA Typing Panel

イントロンとUTRを含む HLA Class I および II 全 18 遺伝子をカバーし、4 フィールドハプロタイピングが可能

Hereditary Cancer Panel

1000 以上の主要なindel、duplication および Rearrangement をターゲット

Custom Panel

完全にカスタマイズ可能なパネル設計により、特定の関心領域をターゲットに設定可能

速い、カンタン、泳がせない電気泳動 QIAxcel Connect

- すぐに使えるゲルカートリッジ
- 1 ラン最大 96 サンプルを処理
- 12 サンプルを最短 7 分で解析
- わずか 5 pg/ μ l の核酸濃度を検出



膨大な知識で、複雑なオミックス解析に“洞察”を QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis

- オミックスデータ統合
- シグナル経路と相互作用可視化
- 疾患や機能への影響を予測
- 研究仮説の生成と検証を支援
- 膨大な文献知識に基づく解析遺伝子



製品やキャンペーン情報を配信中。ニュースレターにご登録ください



Genomic DNA Resource Center for High-Molecular-Weight DNAにて
より詳しい情報をご覧ください



記載の QIAGEN 製品は研究用です。疾病の診断、治療または予防の目的には使用することはできません。
最新のライセンス情報および製品ごとの免責事項に関しては www.qiagen.com の “Trademarks and Disclaimers” をご覧ください。QIAGEN キットの Handbook および User Manual は www.qiagen.com から入手可能です。

Trademarks: QIAGEN®, Sample to Insight® 本文に記載の会社名、商品名、登録名、商標などは、特にそのようにマークされていない場合でも、法律によって保護されている場合があります。

記載の価格はすべて税抜価格です。また、製品情報、仕様、カタログ番号 (Cat. no.)、価格等は予告なく変更する場合がございます。予めご了承ください。

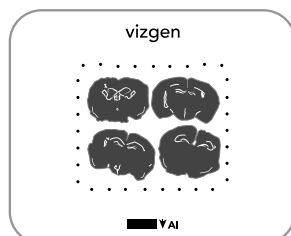
2303229 08/2025 © 2025 QIAGEN, all rights reserved.

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

最大3cm²*のイメージングエリア

1枚のスライドで複数検体を処理することで、
バッチ効果やその他の実験変動を排除。

※MERSCOPE Largeスライド使用の場合



最大9cm²/週の解析

高感度

低発現遺伝子でもRNAを特定できる
高い検出効率

100nmの分解能

組織切片全域からシングルセル・
細胞内イメージングまで

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

様々なサンプルに対応

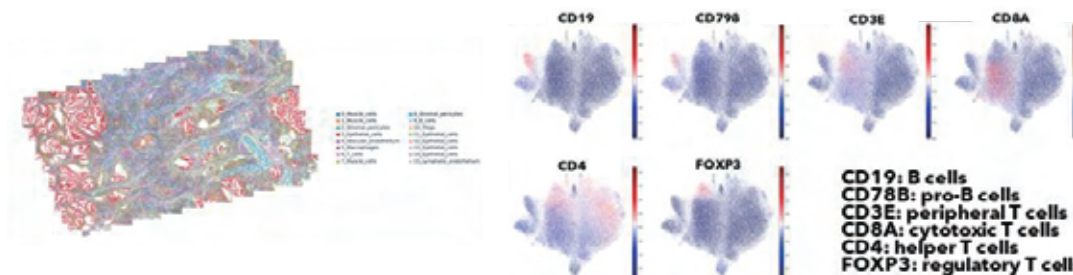
マウス・ヒトの新鮮／固定凍結組織、
FFPE 組織、接着細胞、浮遊細胞

vizgen

高解像度 in situ空間ゲノミクス解析システム

MERSCOPE Ultra™

個々の細胞における
RNAの空間的分布を
直接マッピング・定量化

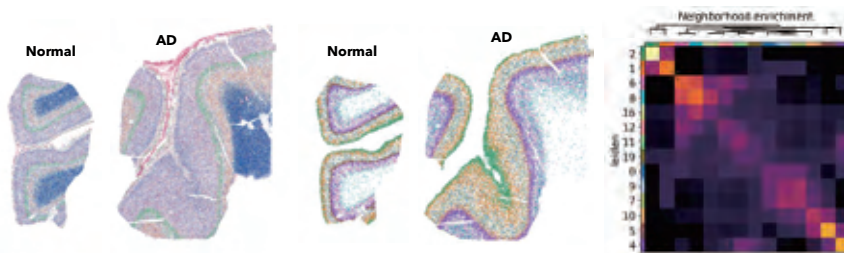


詳しい製品情報は
こちらから

腫瘍微小環境中の細胞タイプのプロファイリング

高品質FFPE子宮がん組織の腫瘍微小環境中の細胞タイプをより詳細にプロファイリングすることが可能。免疫細胞のマーカー遺伝子を含むクラスター6、10、9、5(左)は、これらのマーカーを用いてT細胞、末梢性T細胞、細胞傷害性T細胞、ヘルパーT細胞、B細胞等の免疫細胞に再クラスター化することができた(右)。

正常およびアルツハイマー病ヒト大脳皮質の分子的・空間的不均一性の同時プロファイリング



左：正常およびADのヒト大脳皮質における細胞クラスターの空間分布。中央：グルタミン酸作動性ニューロンサブクラスターの空間分布。右：異なるグルタミン酸作動性サブクラスターの近傍エンリッチメントを示すヒートマップ。

プライムテック株式会社

東京都文京区小石川1-3-25 小石川大田ビル2F TEL: 03-3816-0851 Mail: inst-sales@primetech.co.jp

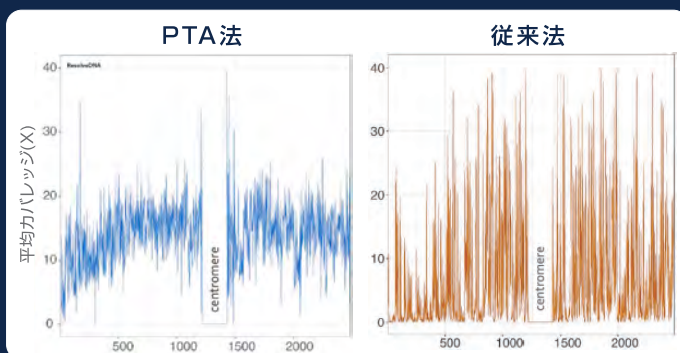
次世代のシングルセルテクノロジー

Primary Template-directed Amplification (PTA)
を利用した正確かつ均一な全ゲノム増幅

ResolveDNA®

シングルセル全ゲノム増幅キット

- 単一細胞からバルクサンプル相当な
高ゲノムカバレッジが得られます
- アレルドロップアウトやバイアスが
従来法と比べて大幅に低減されています
- 一次テンプレート特異的な増幅により、
97%以上のリードがマッピングされます
- わずか30分のハンズオンタイムで
簡単なワークフローで、自動化も可能です



▲ 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

SNV、CNVのより正確な評価をもたらし、
細胞集団の不均一性や多様性の理解に役立ちます

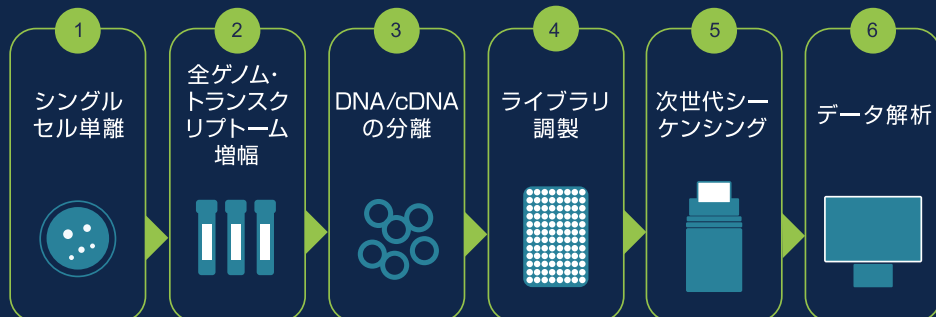
ResolveOME™

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ント、
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 ▶



プライムテック株式会社

バイオ試薬ソリューション部
東京都文京区小石川1-3-25 小石川大田ビル2F

TEL: 03-3816-0851
Mail: reagents@primetech.co.jp

BioSkryb
GENOMICS

Visualix

-研究をその先へ、最先端技術を届ける-

Single cell & Genomics

シングルセル空間オミクス解析
販売・受託

Bruker Spatial Biology
CosMx / Cellscope / GeoMx



次世代シーケンサー
販売・受託

MGI / DNBSEQ series



シングルセル分離装置
RWD / VDCS series



シングルセルピッキングシステム
Visualix / VPick



Analysis

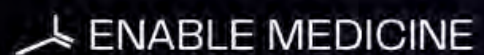
空間トランスクリプトーム
解析ソフト

BioTuring / SpatialX



空間プロテオーム解析ソフト

Enable Medicine
EMPlatform



Visualix

QuantSeq 3' mRNA-Seq NGS 解析用ライブラリ調製キット

3' mRNA-Seq 法でシーケンスコストを **1/10** に削減

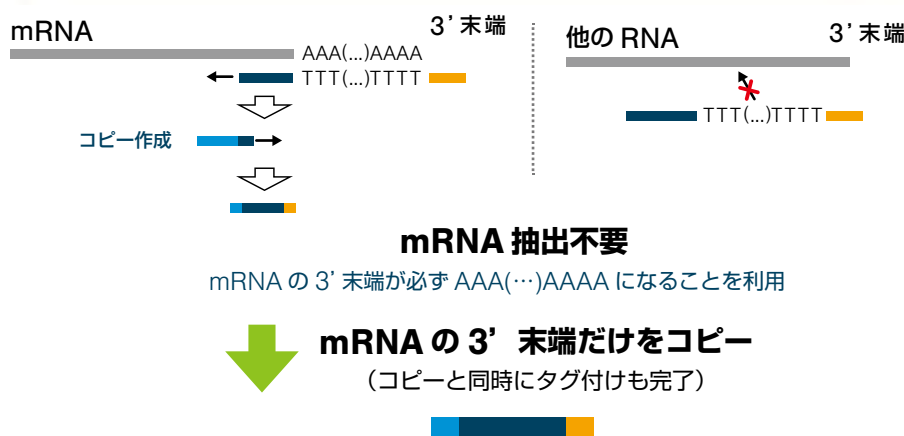
アプリケーション

サンプル中の mRNA の 種類・量 を網羅的に調べる
サンプル間で同一遺伝子の発現量を比較する

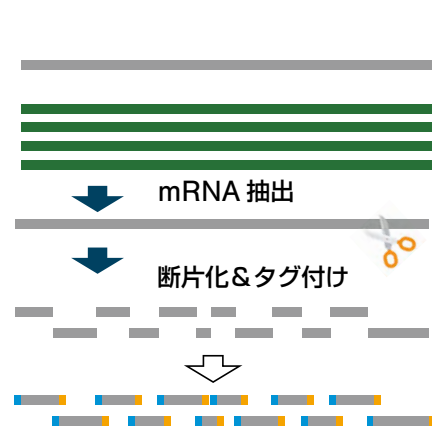


※QuantSeq は Illumina 社製シーケンサーに対応しています。

QuantSeq 3' mRNA-Seq 法



従来法 (mRNA-seq)



低コスト

1 サンプルの解析数 → **1/10**
1 回に解析できるサンプル数が増加
(最大 9,216 サンプル)

解析数や解析回数が減り

50-90% 近いコストカット

時短



わずか **4.5 時間** で操作が完了
(従来法に比べ、約 3 時間の時短)

劣化サンプルに対応



劣化サンプル (FFPE 等) では RNA が分解...

本品は劣化の影響ほぼなし

RNA が **1 ng** あれば検出可

解析が簡単



断片が 1 つ のため解析が簡単
無償 のデータ解析ツールご提供



人と科学のステキな未来へ

コスモ・バイオ株式会社

お問い合わせ TEL: (03)5632-9610
URL : <https://www.cosmobio.co.jp/>

NGS Expo 2025

空間解析・シングルセル解析 最新アップデート

10xブースでご紹介する 製品・技術

10x Genomicsブース**No. 50**で
お待ちしております



臨床サンプルに対応したシングルセル解析： Chromium

- 血液やFFPE、新鮮および凍結組織から高感度なシングルセル解析
- 遺伝子発現からV(D)J、タンパク質、エピゲノムまで対応

NGSを使用した全トランスクリプトーム空間解析： Visium HD

- ヒトあるいはマウスの約18,000遺伝子に対応したプローブで高感度、高解像度解析
- 新登場：Poly(A)キャプチャーで種に依存せず、アイソフォームやTCR/BCRも解析可能に

細胞レベルの空間イメージング in situ 解析： Xenium

- 数百から数千の遺伝子発現を一度に検出：カスタム化も可能
- 新機能：同一切片、同一ワークフローで最大27種類のタンパク質とRNAの発現解析



解析キャンペーン期間限定で実施中！

日本国内で実施

(キャンペーン期間：2025年10月1日～2025年11月27日)

サービス	サンプル数	キャンペーン価格	納品物
RNA-seq解析 （Poly-A、strandedライブラリ調製 20M リードペア、PE100/PE150 又は 30M リードペア、 PE100/PE150）	≧6	20% OFF	レポート Fastqファイル
全ゲノムシーケンス解析（WGS） （PCR-free又はPCR-basedライブラリ調製、<10G raw data/sample）			
全ゲノムシーケンス解析（WGS） （PCR-free又はPCR-basedライブラリ調製、≧10G raw data/sample）	≧1		
調製済みライブラリーシーケンス解析 （DNBSEQ-G400、PE150又はPE100、300M~400Mリードペア/レーン）			

新登場！CycloneSEQ 細菌 De Novo シーケンシング！

新発売記念キャンペーン！お試し特価！

(キャンペーン期間：2025年8月25日～2025年11月27日)



サービス	キャンペーン価格 (税別)	データ量
細菌 De Novo シーケンシング (データ解析なし)	¥30,000	Cyclone ロングリード1GB と DNBSEQ ショートリード1GB
細菌 De Novo シーケンシング (完全マップ解析付き)	¥35,000	

※CycloneSEQ：MGI 社が開発したナノポアシーケンサー。

BGI JAPAN 株式会社

〒650-0047 兵庫県神戸市中央区港島南町 1-5-2 神戸キメックセンタービル 8F

078-599-6108 / Fax: 078-599-6109 bgi.japan@genomics.cn

<https://www.bgi.com/jp>

4臓器対応酵素で 無料分散チャレンジ

各臓器先着50ラボ限定！
分散革命キャンペーン



肺、肝臓、脳、腎臓 — 4つの臓器に対応したReady to useの分散用酵素の登場。組織分散の常識を変えるこの革新を、まずは無料で体験してみませんか？

各臓器先着50ラボに新製品酵素（10サンプル分）を体験いただける機会をご用意しています。定員に達し次第受付終了となりますのでお早めにご応募ください。

分散革命のワケ

肺、肝臓、脳、腎臓のそれぞれの組織特性に最適化した組織分散用酵素を“Ready to Use”でご提供。scRNA-seq、フローサイトメーター、初代培養、オルガノイド作製など幅広い用途に対応し、4℃、37℃の両温度で使用可能。高い生存率・低凝集・高収率を実現し、組織分散の課題に応えます。複雑なプロトコールに悩むことなく、満足できる分散条件で実験できる、新しいスタンダードです。

ご注文情報

製品	コード番号	組織	価格(円)
Dissociation Enzyme Mix A NEW	29740243	肺	101,100
Dissociation Enzyme Mix B NEW	29751004	肝臓	71,900
Dissociation Enzyme Mix C NEW	29740240	脳	79,000
Dissociation enzyme mix D	29733434	腎臓	57,200



ご応募はこちらから

参加条件

- ・ 組織分散に関する研究を日常的に行っているラボ
- ・ サンプルご体験後、評価結果の共有にご協力いただける方（目安：1ヶ月以内）
- ・ ご提供いただいたデータやご感想を弊社Webサイト等で紹介することにご同意いただける方

※ 公開内容については事前にご相談のうえ決定いたします。



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 Holding corporation or an affiliate business as Cytiva. Any other trademarks are the property of their respective owners.

© 2025 Cytiva

掲載されている内容および価格は2025年8月現在のものです。価格は希望小売価格（消費税は含まれておりません）であり、単なる参考価格のため、弊社販売代理店が自主的に設定する販売価格を何ら拘束するものではありません。掲載されている製品は試験研究用以外には使用しないでください。掲載されている内容は予告なく変更される場合がありますのであらかじめご了承ください。掲載されている社名や製品名は、各社の商標または登録商標です。お問合せに際してお客さまよりいただいた情報は、お客さまへの回答、弊社サービスの向上、弊社からのご連絡のために利用させていただく場合があります。



公益財団法人

かずさDNA研究所



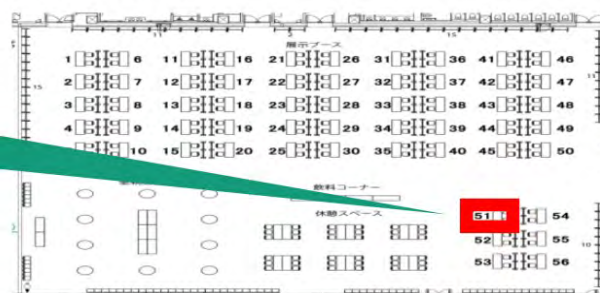
かずさDNA研究所が **30年** をかけて
蓄積してきた遺伝子解析技術

ヒト・動物・植物・微生物などあらゆる生物のDNAやRNAの配列を様々な方法を用いて解析

NGS EXPO
展示ブース **【51】**

〈休憩スペース横〉

ぜひお立ち寄りください。



DNA Research

DNA Researchに投稿しませんか？

完全Open Access誌

世界100カ国以上から

年間26万件を超えるダウンロード



2024 CiteScore : 7.2
(Scopus, 2025)

2024 Impact Factor : 2.9
(Clarivate, 2025)



**初回判定までの
所要日数 : 16.5日**
(中央値)



投稿の詳細は、上記のQRコードよりご参照ください。

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・低デッドボリュー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

Explore Life's Mysteries For Better Healthcare

Deliver efficient sequencing tools for clinical applications





最先端のゲノム解析で研究を加速 今だけの特別キャンペーンをお見逃しなく！

QRコードをスキャンして
お問い合わせ

🕒 2025年12月25日(木)サンプル受領分まで

RNA-Seq (NovaSeq、PE150)	データ量	キャンペーン内容	キャンペーン価格 (税抜/サンプル)	参考納期 (QC合格後)	受入検体
真核生物Poly-A 選択法 non-stranded	6Gb	5サンプル発注で 1サンプル無料	¥18,000	20営業日	Total RNA
真核生物 Poly-A 選択法 Strand-specific	6Gb	5サンプル発注で 1サンプル無料	¥21,500	20営業日	Total RNA

ゲノム解析 (NovaSeq、PE150)	データ量	キャンペーン内容	キャンペーン価格 (税抜)	参考納期 (QC合格後)	受入検体
WGS(動植物)	/	ライブラリー作製 シーケンシング	¥8,500/サンプル ¥1,000/Gb	25営業日	DNA
WGS(ヒト)	90Gb	ライブラリー作製無料	¥64,000	20営業日	DNA
WES (ヒト、Agilent v6)	10Gb	シーケンシング無料	¥30,000	20営業日	DNA
PacBioシーケンス (HiFi リード)	参考データ量 50~90Gb/Cell	40%OFF	¥480,000	30営業日	gDNA

メタゲノム・ 微生物解析	データ量	キャンペーン内容	キャンペーン価格 (税抜)	参考納期 (QC合格後)	受入検体
メタゲノム解析 (NovaSeq、PE150)	6Gb	シーケンシング無料	¥12,000	25営業日	DNA
16S / 18S / ITS シーケンス (NovaSeq、PE150/PE250)	50K tags	シーケンシング無料	¥3,700	25営業日	DNA

シングルセル 空間トランスクリプトーム解析	データ量	キャンペーン内容	キャンペーン価格 (税抜/サンプル)	参考納期 (QC合格後)	受入検体
10X Chromium シングル核RNA-Seq解析	30K~80K reads/Cell	/	¥420,000	35営業日	細胞株、 穿刺由来サンプル、 凍結組織など
10X Visium 空間トランスクリプトーム解析	100Gb	切片・H&E染色・QC無料	V1: ¥550,000 V2: ¥560,000 HD: ¥900,000	35営業日	OCT包埋ブロック/ FFPEブロック/ FFPE切片

- ・本サービスは研究目的以外に利用できません。
- ・本キャンペーンは他の割引と併用できません。

- ・別途、サンプル送料およびデータ納品費用(クラウド/HDD)が発生する場合があります。
- ・検体のご返却はできません。

お問い合わせ先

HaploX JAPAN株式会社
〒532-0011
大阪市淀川区西中島7丁目1-29
新大阪SONEビル604
TEL: 06-6711-4812
FAX: 06-6711-4813
EMAIL: hapjp@haplox.net
WEB: <https://www.haplox.jp/>

本サービスは、特に明記されていない限り、研究目的以外にはご利用いただけません。
Copyright©2025 HaploX Biotechnology Co., All Rights Reserved.すべての商標は、HaploX GeneTech Limited または該当する各権利者に帰属します。
本資料には、幅広い閲覧者を対象とした製品情報が含まれています。記載された製品やサービスは、国・地域によってはご利用いただけない場合や、提供されていない場合があります。お客様の所在国における法規制、承認手続き、登録等に適合しない情報の閲覧または利用に関して、当社は一切の責任を負いません。特に明記のない限り、一部のシーケンサーおよび試薬は国または地域によってはご使用いただけない場合があります。製品の地域別提供状況については、当社までお問い合わせください。当社は、本資料に関する最終的な解釈権を有します。

AI や HPC を扱う、全サイエンティストの要求に答える高性能計算機を製造販売・サポートをしています。
お気軽にご連絡ください。

NVIDIA APPLIANCE Server



NVIDIA DGX B300

NVIDIA Blackwell GPU Architecture

Accelerated infrastructure for the era of AI reasoning

- ・Built with NVIDIA Blackwell Ultra GPUs
- ・2.3 TB of GPU memory space
- ・72 petaFLOPS of training performance
- ・144 petaFLOPS of inference performance
- ・NVIDIA networking
- ・Intel Xeon 6776P processors
- ・Leverages NVIDIA AI Enterprise and NVIDIA Mission Control

HGX B200 SXM x8 System - Blackwell GPU Server

HPCT RS10X62P-8GN/AP

- ・8x Blackwell HGX B200 SXM
- ・1,440GB Total, 64TB/s HBM3e Bandwidth
- ・1.8TB/s GPU-CPU Interconnect
- ・2x Intel Xeon 6900 Series w/ P-Core
- ・DDR5-6400 24DIMM Up to 3TB
- ・DDR5-8800 MRDIMM Supported
- ・NVIDIA BlueField-3 or NVIDIA ConnectX-7 Supported
- ・10U Rackmount
- ・6x 5250W Redundant(3+3)Power Supplies



Universal AI and visual computing performance



NVIDIA RTX PRO 6000 Blackwell Server Edition

最先端の AI 処理能力と卓越したビジュアル コンピューティング性能を統合し企業データセンターの複雑なワークロードを劇的に加速します。

96GB GDDR7を搭載しエージェント AIやフィジカル AI、科学計算からレンダリング、3Dグラフィックス等幅広いユースケースに対応するパフォーマンスと柔軟性を提供します。

GPU Memory : 96GB GDDR7
Memory Interface : 512-bit
Memory Bandwidth : 1,597GB/s
CUDA Cores : 24,064
Tensor Cores : 752
FP32 : 117 TFLOPS



NVIDIA エリートパートナー

A2ZEON 日本総代理店

ANSYS Discovery Live 代理店



DNBSEQ-T7+

ウルトラハイスループットで
さらなる解析スピードへ——



DNBSEQ-T1+

マルチオミックス対応シーケンサー
あらゆるアプリケーションに——



SEQ ALL

MGI Tech Japan 株式会社 **MGI**

住所: 〒104-0044 東京都中央区明石町 8 - 1 聖路加タワー35F

電話: 03-6260-6398

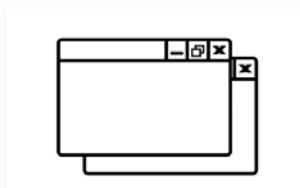
メール: MGI_Japan@mgi-tech.com

クラウドのNotebookを組織内環境へ

ご指定のソフトウェア環境を、複数ユーザがブラウザで利用可能な「Notebook+計算サーバ」で提供

NVIDIA社製 GPU搭載サーバ1台で、クラウドのNotebook同等のインシリコ解析環境を組織内に導入し、秘匿性の高いデータを安全に取り扱える環境を提供します。

主な特長



柔軟な解析環境

Notebook単位でパイプラインを簡単に修正・更新。研究の進展に合わせた環境構築ができます。



共同研究の促進

各ユーザが個別Notebookを利用しつつNotebookを共有できるため、研究グループ内のナレッジ共有が促進されます。また、複数ユーザの解析ジョブは、リソース空きに応じて待機・順次実行されます。



最先端モデルの活用

論文掲載のAIモデルや、NVIDIA® Parabricks®※1) などベンダ提供ソフトウェアを活用した解析パイプラインもご利用いただけます。

サービス内容

サービス内容	価格（税込）
Notebookの初期環境構築	50万円～（構築毎に要見積）
解析パイプライン毎のNotebook構築	50万円～（Notebook毎に要見積）
技術サポート	利用者数に応じた月額（利用する場合、要見積）
GPUサーバ貸出（※2）	月額（利用する場合、要見積）

※1) NVIDIA® Parabricks®は、NVIDIA Corporationの米国および各国での商標または登録商標です。

※2) 解析の実行で利用します。貸出以外に、既設もしくは新規購入のGPUサーバもご相談ください。

ご質問やお見積りのご依頼は、お気軽にお問い合わせください。Mail: info@cheminfo.jp.nec.com
 広告掲載部門：日本電気株式会社 コンピュータ統括部アクセラレータソリューショングループ

お問合せ





Bio
by patsnap

AI搭載の生物配列検索 および解析システム

- 核酸配列およびタンパク質配列を検索し、類似する配列を特定
- 特許情報、学術論文、および生物学的な公開データベース内の公開情報を照会
- 薬剤や遺伝子に基づいて関連する生物配列を索引化する機能もサポート

996M

特許からの配列

2.3M

配列を含む特許

586M

文献からの配列

2.5M

配列を含む文献

49.5M

縮重配列

80

特許発行機関

◇ バイオ医薬分野において、どのような研究分野が活用できるでしょうか？



◇ どのような研究開発の段階において活用できるでしょうか？



LightBench® Discover

近日発売予定！

シーケンスデータを強化して
研究スピードを加速！



- ① サイズセレクション
- ② DNA定量
- ③ ラージフラグメント
解析 (最長 150 kbまで)

これらのワークフローを1台の
ベンチトップ装置で効率的かつシンプルに



BoFU-1600 — DNA断片化のための 集束型超音波破碎装置

高速・信頼性・バイアスなし

BoFU-1600は最先端のボウル集束型超音波破碎技術を搭載し、再現性の高いDNA断片化を実現します。サンプルの完全性を保持し、研究用途から臨床NGSアプリケーションに至るまで信頼できる結果を提供します。

高速処理

1サンプルあたり60秒で、再現性のあるDNA断片化を実現

高スループット

最大16サンプルを同時処理し、従来の単一サンプルシステムよりも高いスループットを提供

データの一貫性

バイアスのない断片化によりライブラリーQC合格率を向上させ、一貫したダウンストリーム性能を保証

感受性サンプルの完全性保持

等温超音波処理により温度に敏感なサンプルを保護し、信頼性の高いNGSワークフローを可能に

低コスト化

ライブラリー失敗の減少とリワークの削減により、シーケンスの総コストを低減

信頼できるリカバリー

安定したリカバリーにより、貴重で限られたサンプルを最大限に有効活用



BoFU 超音波破碎装置シリーズ



BoFU-100
単一サンプル
高精度処理



BoFU-80
微生物専用ア
プリケーション



BoFU-1600
16サンプル同
時処理



Longlight Technology Co., Ltd.

marketing@longlight.com

www.longlight.com

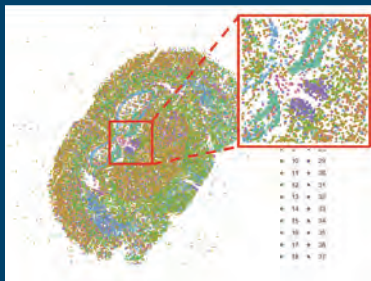
No. 202, Block B, Nanfeng Building, Nanshan Yungu Innovation Industrial Park, No. 4093, Liuxian Avenue, Nanshan District, Shenzhen

受託解析

バイオインフォマティクスの専門家が研究テーマや
ご要望に応じたデータ解析を実施します。

PRODUCT

- WET実験+DRY解析+報告会+アフターフォロー
対応プラットフォーム: Xenium, Visium,
Curio Trekker™, Stereo-seq™, CosMx™



人材育成

研究者が自らデータを収集・整理し、
分析するための実践的トレーニングを提供します。

PRODUCT

- 実践的なコマンド実習とハンズオン質問会



空間的遺伝子発現解析なら アメリエフにお任せください!

コンサルティング

経験豊富なデータサイエンティストが効果的な手法選択と
データ解析を実施し、インサイト創出を支援します。

SERVICE

- 標的遺伝子の絞り込み
- 細胞種同定
- 標的パスウェイの絞り込み
- 制御関係の推定
- ネットワーク変化の可視化

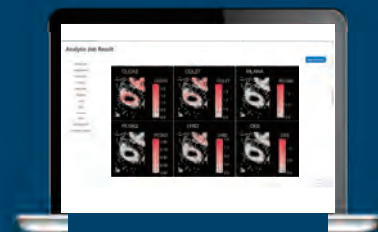


ソフトウェア・サーバ

バイオデータを研究や製品開発に
活用するためのシステムを整備します。

SERVICE

- 空間的遺伝子発現解析ソフトウェア
 - ー 空間座標の選択
 - ー 着目領域の抽出
 - ー 抽出した領域に対する解析



ゲノムでもAIでも、 “できること”を広げる データ解析環境構築。

解析ソフトからITインフラまで、次の発見を支える研究環境を。

“共創型”ゲノムデータ解析システム



Takeru for Sequencer VII

- ・ 計算リソースをフル活用
- ・ 解析内容やデータに合わせた環境構築が可能
- ・ Admin業務の運用をサポート

ライフサイエンス向け研究室内完結型AI



In-Lab LLMスターターキット

- ・ 「gpt-oss」でAIを使った安全な研究を可能に
- ・ AIによる新たな仮説生成を実現
- ・ 解析コードの自動作成を支援



大好評だったキャンペーン価格を定価にしてご案内！
高品質サービスがいつでも安い！安心のお値段です！

① 新規ユーザー登録パッケージ

mRNA-Seq解析

ご利用条件：一度のご注文で20サンプル以上

サービス名	プラットフォーム	データ量	定価(税別)
真核生物mRNA-Seq ストランド特異性解析	NovaSeq X plus 150PE	6Gb (2000万PEリード)	19,800円
真核生物mRNA-Seq ストランド特異性解析	NovaSeq X plus 150PE	9Gb (3000万PEリード)	22,800円
追加シーケンス	NovaSeq X plus 150PE	1Gb 単位	1,000円
真核生物mRNA バイオフィンフォーマティクス解析	定量解析	サンプル毎	5,000円
真核生物mRNA バイオフィンフォーマティクス解析	リファレンスあり解析	サンプル毎	10,000円

mRNA-seqのお取り扱いには海外シーケンスラボとなります。

WGS/ライブラリーSeq

サービス名	プラットフォーム	データ量	定価(税別)
全ゲノムシーケンス	NovaSeq X plus 150PE	90 Gb	64,500円
NovaSeq X plus ギガ売り	NovaSeq X plus 150PE	1Gb 単位	1,000円
ライブラリーSeq 10Bフローセル・レーン解析	NovaSeq X plus 150PE	375 Gb	238,000円
ライブラリーSeq 25Bフローセル・レーン解析	NovaSeq X plus 150PE	1,000 Gb	529,000円

海外解析をご利用の場合の特別価格です。国内解析をご希望の場合は、別途ご相談ください。

② 完全長RNA-Seqパッケージ ■有効期限：2026年3月まで

ご利用条件：一度のご注文で4サンプル以上

サービス名	プラットフォーム	サービス内容	定価(税別)
Kinnex full-length RNA-Seq	PacBio Revio	cDNA生成 + Kinnex全長RNAライブラリ調製 + 500万 HiFi reads / sample	198,000円
Kinnex full-length RNA-Seq	PacBio Revio	cDNA生成 + Kinnex全長RNAライブラリ調製 + 1000万 HiFi reads / sample	298,000円

Kinnexデータ解析定価：103,800円(税別)

【注意事項】
レーンシーケンスの場合、ライブラリー毎のQC費用は3000円です。
別途、核体取扱手数料(税別6,500円)とHDDデータ返却費用20,000円(税別)やクラウドデータ返却費用は4000円(税別)/100Gbが生じます。

③ RNA-Seq 999 パッケージ ■有効期限：2026年3月まで

データ量9Gb以上、9サンプル以上の場合、9%のお値引き！

サービス名	プラットフォーム	データ量	定価(税別)
真核生物mRNA-Seq Strand解析	NovaSeq X plus 150PE	9Gb (3000万PEリード)	29,200円
真核生物mRNA-Seq Strand解析	DNBSEQ-T7 150PE	9Gb (3000万PEリード)	25,900円
真核生物mRNA-Seq 非-Strand解析	NovaSeq X plus 150PE	9Gb (3000万PEリード)	26,200円
真核生物mRNA-Seq 非-Strand解析	DNBSEQ-T7 150PE	9Gb (3000万PEリード)	23,500円
1Gb毎の 追加シーケンス費用	NovaSeq X plus 150PE	1Gb	1,000円
1Gb毎の 追加シーケンス費用	DNBSEQ-T7 150PE	1Gb	1,100円
バイオフィンフォーマティクス解析	真核生物・定量解析	サンプル毎	6,200円
バイオフィンフォーマティクス解析	真核生物・標準解析	サンプル毎	9,800円

④ 1億リードRNA-Seqのパッケージ

サービス名	プラットフォーム	データ量	定価(税別)
真核生物mRNA-Seq Strand解析	NovaSeq X plus 150PE	30Gb (1億PEリード)	39,800円

⑤ 国内ラボ解析パッケージ

国内レーン解析は業界最速の最短5営業日からご案内！

サービス名	プラットフォーム	データ量	定価(税別)
レーンシーケンス	NovaSeq X plus 150PE	375Gb	260,000円
全ゲノムシーケンス	NovaSeq X plus 150PE	90Gb 4サンプル以上の場合	70,000円 /サンプル

【注意事項】
レーンシーケンスの場合、ライブラリー毎のQC費用は3000円です。
別途、核体取扱手数料(税別6,500円)とHDDデータ返却費用20,000円(税別)やクラウドデータ返却費用は4000円(税別)/100Gbが生じます。

国内ラボ解析（NovaSeq X Plus）のサービス拡充！
海外解析と同じ価格で、業界最速納期を実現！！！！

① RNA-Seqの国内ラボサービス開始！

お値段も仕様もそのまま、業界最速の納期！最短**7営業日**～

② 「ギガ売り」の国内ラボサービス開始！

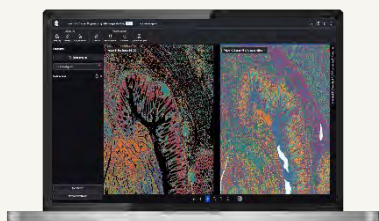
75Gbからのご利用でお値段はそのまま＋データ量保証！
なおかつ業界最速の納期！最短**7営業日**～

「業界最速」＝同業他社のサービス納期との比較です

研究の可能性を広げる NGSソリューション

SpatialX

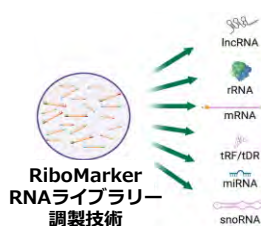
空間オミックスデータ解析ソフトウェア



- 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

RiboMarker シリーズ

RNA断片サンプル
ライブラリー調製



- 100塩基未満かつ様々な5'または3'末端の組み合わせのRNAを全て補足
- 生体組織、体液、土壌など様々なサンプル由来のRNAに対応

Tapestri Platform

シングルセルマルチ
オミックス解析装置



- ハイスループットなシングルセルDNA/マルチオミックス解析
- 標的DNA上のSNV/Indel/CNV & 細胞表面タンパク質を同一細胞から一度に検出

NGS ファイティンキャンペーン



キャンペーン対象（第1弾） 2025/10/1（水）～12/25（木）

1. Bulk RNA-Seq

通常価格の
約20% OFF!!

ライブラリ調製キット	TruSeq Stranded mRNA
対応サンプル	抽出済み Total RNA※1

2. Single cell RNA-Seq

※韓国本社実施

通常価格の
約15% OFF!!

対象生物種	ヒト・マウス
対応サンプル	凍結細胞、凍結組織、FFPE 検体、固定化細胞※1
受注単位	4 検体単位

※1 固定化細胞でご送付頂く際、固定液は弊社からご案内可能です。

キャンペーン対象（第2弾） 2025/11/4（火）～2026/1/30（金）

1. Library-Seq

通常価格の
約10% OFF!!

シーケンサー	NovaSeqX Plus
対応サンプル	調整済みライブラリ Conc.: 10nM 以上, 液量: 20ul 以上
データ量※1	・10B フローセル: 約 370Gb/lane (約 25 億リード) ・25B フローセル: 約 900Gb/lane (約 60 億リード)

※1 取得データ量は目安となります。

データ量および質については保証いたしかねますので予めご了承ください。

お急ぎの場合は別途料金が発生しますが、最短7営業日で納品可能な**スピードプラン**での対応も可能です。ご依頼の際は右側の QR コードより留意事項をご確認ください。



2. 16s / ITS rRNA 解析

※韓国本社実施

通常価格の
約15% OFF!!

シーケンサー	MiSeq i100
サンプル条件	gDNA Conc.: 0.1ng/ul 以上
解析範囲	16s rRNA(V3-V4), ITS 領域
データ量	300PE, 100,000 reads ~

※ 5 サンプル以下は送料元払いとなります。

お問い合わせ

株式会社マクロジェン・ジャパン

Tell: 03 (5962) 1124

Mail: ngs@macrogen-japan.co.jp

〒135-0064

東京都江東区青海2丁目4番32号 タイム24ビル16F

パンフレット



お問い合わせ



METTLER TOLEDO



レイニン
製品情報



We're here for you!
Pipettes - Tips - Service
RAININ Research Warrior

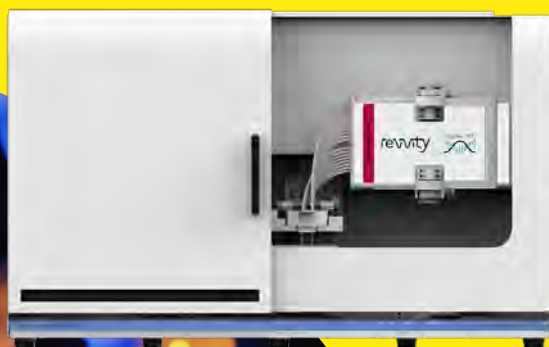
メトラー・トレド株式会社 レイニン事業部
〒110-0008 東京都台東区池之端2-9-7 池之端日殖ビル
TEL: 03-5815-5515
www.mt.com/rainin | Support.jp@mt.com
X アカウント: @raininpipetteJP



RAININ
Pipetting 360+



Reimagine low-throughput library prep.



BioQule™ NGS システムは、あらゆる研究者のためのコンパクトな自動化ソリューション。
NGSライブラリー調製の常識が変わります。

- NGSライブラリー調製とライブラリー定量を1台で自動化
- 簡単なセットアップ、カートリッジ式でコンタミ無し
- 他社製品も含め、幅広いライブラリー調製キットに柔軟に対応（カスタム対応可能）

再現性と効率を両立し、NGSワークフローをスマートに。

BioQule NGSシステムをぜひブースでご覧ください！

For more information
株式会社レビティジャパン
www.revivity.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。



Click or scan

MobiDrop社製 高スループット シングルセルシーケンシングシステム MobiNova®-100/MobiNova®-M1

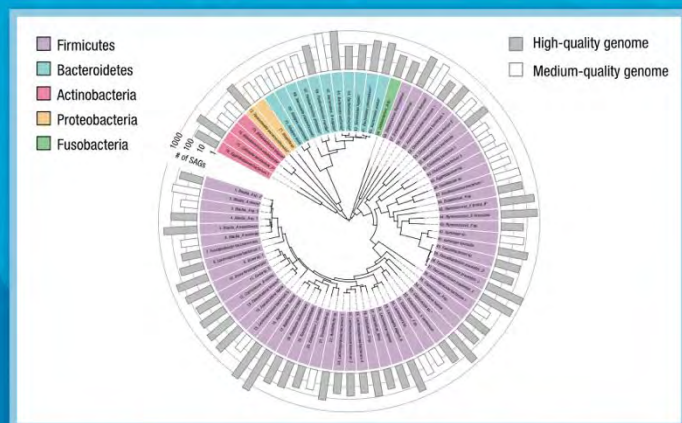
特 長

- 米国ハーバード大学発の技術
- 4ステップ【Microbe-Seq用】自動ライブラリ作成
- かつてない株レベルの分解能を達成
- ホリゾンタルジーン転スファア解析
- ホストファージアソシエーション解析
- 新株・新種の特定
- 高品質なゲノムアセンブリ
- MobiMicrobe®シングルセル微生物用試薬キット

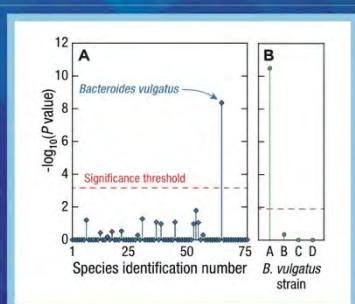


MobiNova®-M1高速プラットフォーム

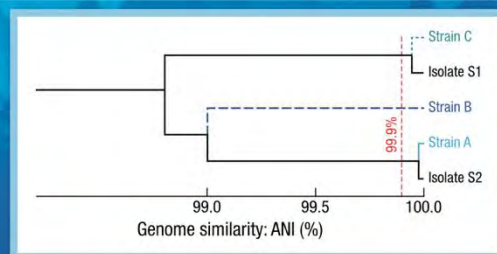
データ解析例



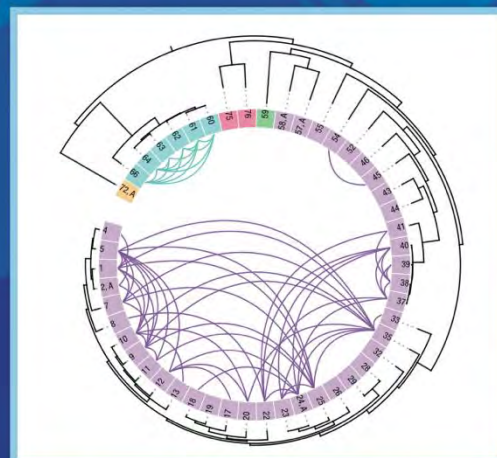
- ・ヒトの7つの糞便サンプルから76種のバクテリア (Co-assembledゲノム) を発見
- ・52の高品質ゲノムを特定



- ・BブルガタスがcrAssphageのIn-Vivo宿主であることを発見
- ・株AがcrAssphageとの関連性が大きいことを特定



- ・MobiNova®-M1で取得した2つの株レベルのゲノム (A, C) が培養サンプルと一致
- ・培養で得られなかった新株Bの特定



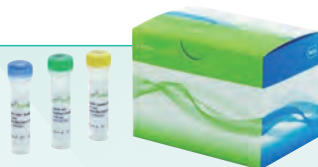
- ・49種のバクテリアの水平伝播 (HGT) 解析
- ・MobiNova®-M1により単一の高品質な株レベルのゲノムを取得

ライブラリー調製キット

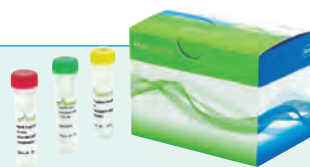
エボプレップ

エボプラス

KAPA EvoPrep Kit / KAPA EvoPlus V2 Kit

断片化されたDNAの
ライブラリー調製キット

KAPA EvoPrep Kit

酵素断片化による
DNAライブラリー調製キット

KAPA EvoPlus V2 Kit

／キャンペーン価格でご提供中／

KAPA EvoPrep Kit

・ シンプルなワークフロー

レディミックスタイプなので、簡単かつ作業時間短縮! ヒューマンエラーのリスクも低減します。

・ 微量サンプル対応、ライブラリー収量もUP!

KAPA EvoT4 DNA リガーゼの導入により、ライブラリー効率が上がり、収量がUPします。

・ 難しいサンプルにも対応

cfDNAやFFPEのような難しいサンプルでもクオリティーの良いデータを得ることが可能です。

■ チューブフォーマット

Cat.No.		入数	価格(税抜)	キャンペーン価格(税抜)
10 154 039 001	KAPA EvoPrep Kit*	24反応	¥108,000 →	¥81,200 @¥3,383
10 153 806 001	KAPA EvoPrep Kit (PCRフリー)	24反応	¥106,000 →	¥77,000 @¥3,208
10 096 039 001	KAPA EvoPrep Kit*	96反応	¥388,000 →	¥276,500 @¥2,880
10 153 814 001	KAPA EvoPrep Kit (PCRフリー)	96反応	¥386,000 →	¥263,900 @¥2,749

※ KAPA Library Amp Primer Mix / KK2623 付

製品の詳細
はこちら

KAPA EvoPlus V2 Kit

・ 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

・ フラグメンテーション性能の向上

EDTAを含む溶液であっても温度と時間の調整だけで、お望みのインサートサイズが得られます。

・ 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。

■ チューブフォーマット

Cat.No.		入数	価格(税抜)	キャンペーン価格(税抜)
09 420 037 001	KAPA EvoPlus V2 Kit*	24反応	¥110,000 →	¥82,600 @¥3,442
09 420 045 001	KAPA EvoPlus V2 Kit (PCRフリー)	24反応	¥108,000 →	¥78,400 @¥3,267
09 420 053 001	KAPA EvoPlus V2 Kit*	96反応	¥390,000 →	¥278,600 @¥2,902
09 420 304 001	KAPA EvoPlus V2 Kit (PCRフリー)	96反応	¥388,000 →	¥266,000 @¥2,771

※ KAPA Library Amp Primer Mix / KK2623 付

製品の詳細
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
2025年
7月号

特集1 疾患の運命を握るRNA修飾

技術革新が紐解くがん・代謝・免疫との新しい関係

魏 范研, 鈴木 勉/編

特集2 創薬スタートアップの先駆者が語る綻と現実

「谷」を越えるチームづくりから知財戦略・資金調達まで

深津幸紀/企画

増刊
Vol.43
No.15

構造生命科学 AlphaFold時代にどう活かす?

生命機能を解く、変える、創るための技術と研究戦略

加藤英明, 西増弘志/編



新刊

実験デザインからわかる マルチオミクス 研究実践テキスト

実験・解析・応用まで現場で使える
プログラムコード付き完全ガイド

大澤 毅, 島村徹平/編

■定価 8,580円(本体 7,800円+税10%)
■B5判 ■296頁
■ISBN 978-4-7581-2279-5



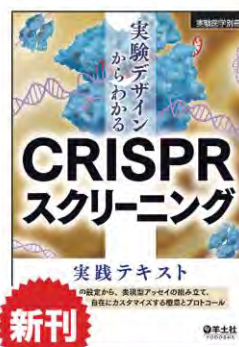
実験デザインからわかる

CRISPR スクリーニング 実践テキスト

実験規模の設定から、表現型アッセイの
組み立て、遺伝子同定まで、自在に
カスタマイズする極意とプロトコル

遊佐宏介, 樽本雄介/編

■定価 8,580円(本体 7,800円+税10%)
■B5判 ■266頁
■ISBN 978-4-7581-2285-6



新刊

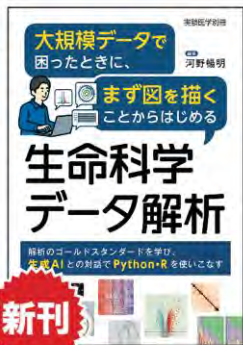
大規模データで困ったときに、
まず図を描くことから始める

生命科学 データ解析

解析のゴールドスタンダードを学び、
生成AIとの対話でPython・Rを使いこなす

河野暢明/編

■定価 5,940円(本体 5,400円+税10%)
■B5判 ■349頁
■ISBN 978-4-7581-2282-5



新刊

達人直伝 マイクロ バイオーム研究 実践プロトコル

サンプル調製やデータ解析で陥りがちな
ピットフォールを攻略し、ヒト微生物叢の
本来の姿を捉える

服部正平/編

■定価 7,920円(本体 7,200円+税10%)
■B5判 ■205頁
■ISBN 978-4-7581-2283-2



新刊

神経科学者と学ぶ 深層学習 超入門

AIの種を知り、知識の樹を育て、
研究で最新モデルを使いこなす

渡辺英治/著

■定価 4,290円(本体 3,900円+税10%)
■A5判 ■207頁
■ISBN 978-4-7581-2284-9



新刊

論文に出る 遺伝子 デルジーン300

PubMed論文の登場回数順に
ヒト遺伝子のエッセンスを一望

坊農秀雅/編

■定価 4,620円(本体 4,200円+税10%)
■A5判 ■231頁
■ISBN 978-4-7581-2277-1



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

世界を変える、

一滴の力。

Since 1846

www.nacalai.co.jp



創造の現場に試薬の力を。

私たちは科学の力で幅広いお客様のクリエーションを支援する試薬を提供し続けます。

価格・納期のご照会
0120-489-552

製品に関するご照会
URL: <https://www.nacalai.co.jp/contact/>
TEL: 075-211-2703

nacalai tesque
The quality for certainty.



ナカライテスク株式会社
〒604-0855 京都市中京区二条通烏丸西入東玉屋町498

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

■ 支 店

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

■ オフィス・営業所

東富士オフィス TEL:055-989-4646
豊田オフィス TEL:0565-71-1420

新山口オフィス TEL:083-973-8164
沖縄営業所 TEL:098-896-2510



研究機器 オンライン 受託 オンライン

研究のニーズにお応えして、サポートします！



✓ 予算申請に便利！

✓ 指定範囲の金額で検索可能！

✓ 気になるワードで検索！

✓ 充実の製品情報は随時追加・更新！

研究機器 オンライン

研究機器オンライン

最新情報

製品情報

会社案内

採用情報

お問い合わせ

最新情報

すべて

キャンペーン情報

お知らせ

製品トピックス

セミナー情報

製品名	価格	特徴	お問い合わせ
HPトップバナーから簡単にアクセス!			
研究機器オンライン			
受託オンライン			
ワンストップオンラインショップ			

特徴

キャンペーン・セミナー情報の確認も可能

研究用途に合わせた検索もラクラク!

比較表がさらにバージョンアップ
性能キーワードで絞り込み可能

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!

受託 オンライン

受託オンライン

最新情報

製品情報

会社案内

採用情報

お問い合わせ

最新情報

すべて

キャンペーン情報

お知らせ

製品トピックス

セミナー情報

サービス名	価格	特徴	お問い合わせ
受託サービス			
研究機器オンライン			
受託オンライン			
ワンストップオンラインショップ			

特徴

キャンペーン・セミナー情報の確認も可能

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
受託サービス検索

遺伝子工学、シーケンス解析、
タンパク質工学などのカテゴリ検索!

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

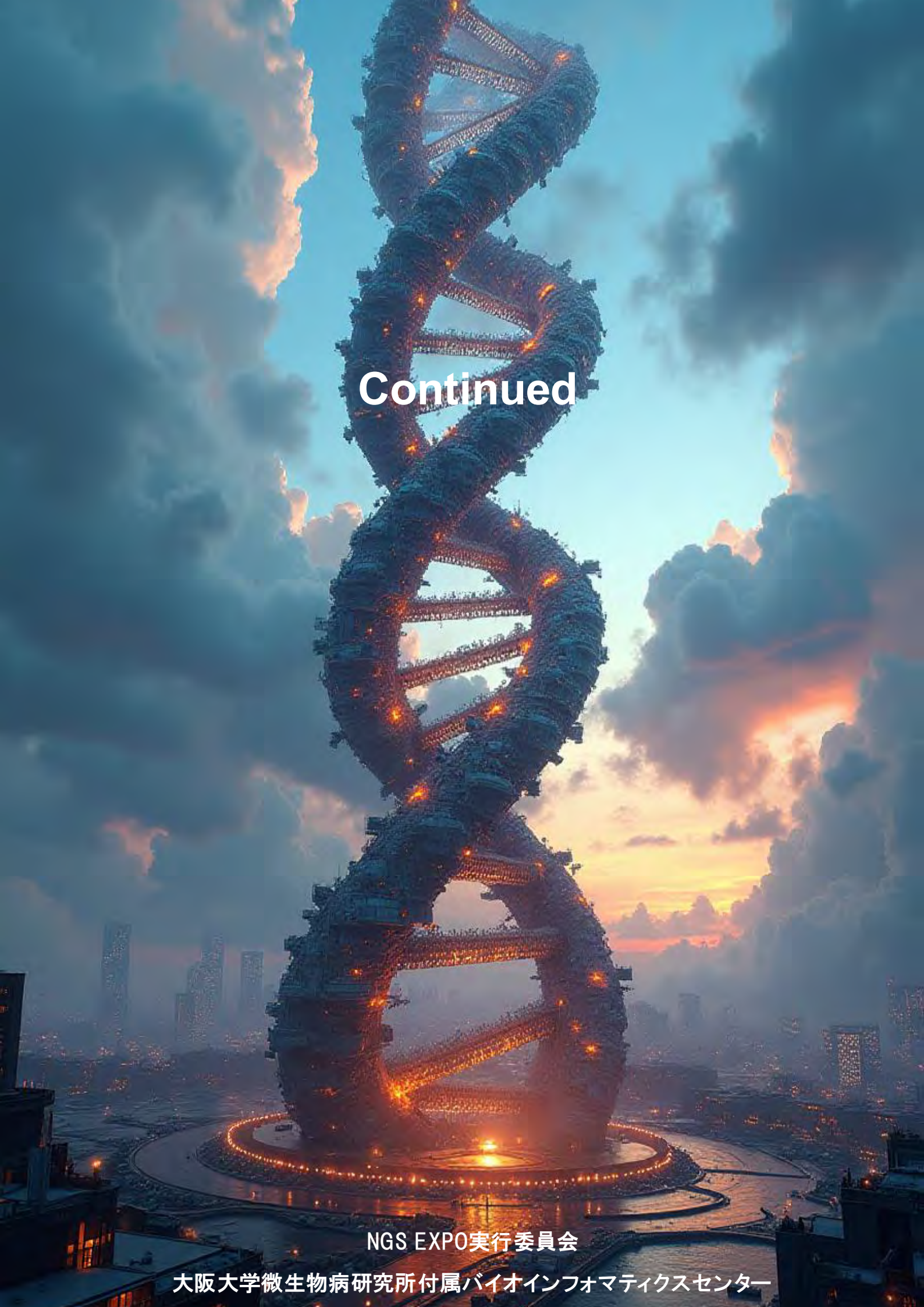


和研薬ホームページ



NGS EXPO 2025 要旨集
2025 年 10 月 1 日発行



A massive, glowing DNA double helix structure rises vertically from a city at sunset. The structure is composed of many small, illuminated segments, giving it a textured, almost crystalline appearance. It is surrounded by a circular base with a ring of lights. The background features a city skyline with various skyscrapers and a sky filled with large, dramatic clouds illuminated by the setting or rising sun, creating a warm orange and yellow glow.

Continued

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