

GRADUATE SCHOOL OF FRONTIER SCIENCES
THE UNIVERSITY OF TOKYO

機器性能の向上と設備環整備の必要性

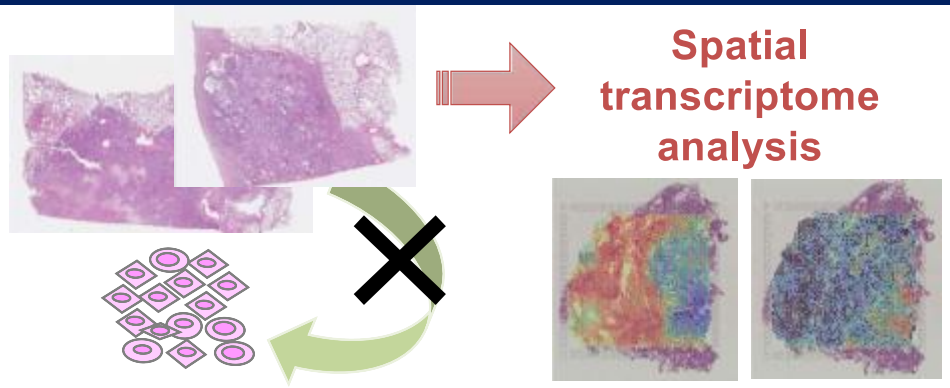
鈴木穣
東京大学新領域創成科学研究科
生命データサイエンスセンター
/東京大学ゲノム医科学連携研究機構

THE UNIVERSITY OF TOKYO

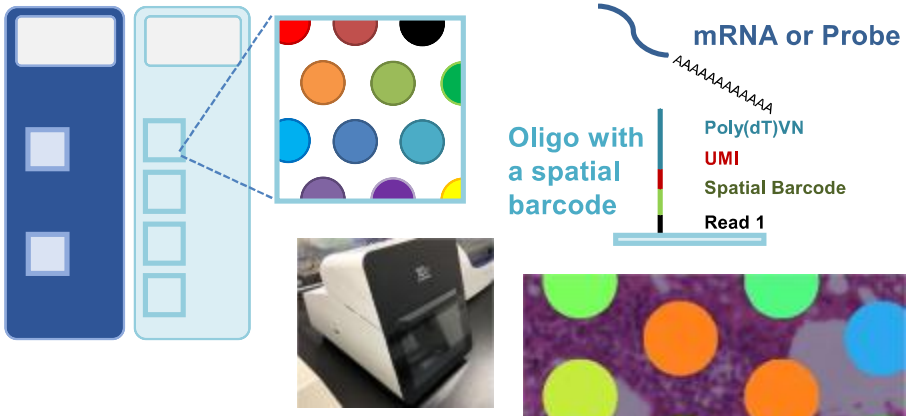
Understanding intratumor heterogeneity and complex microenvironment of cancer tissues by spatial analysis

Tumor tissues consist of various types of cells and they interact with each other, resulting in construction of complicated tumor microenvironment (TME).

Spatial and histopathological information is needed to understand molecular events in each of the local regions of lung cancer tissues.

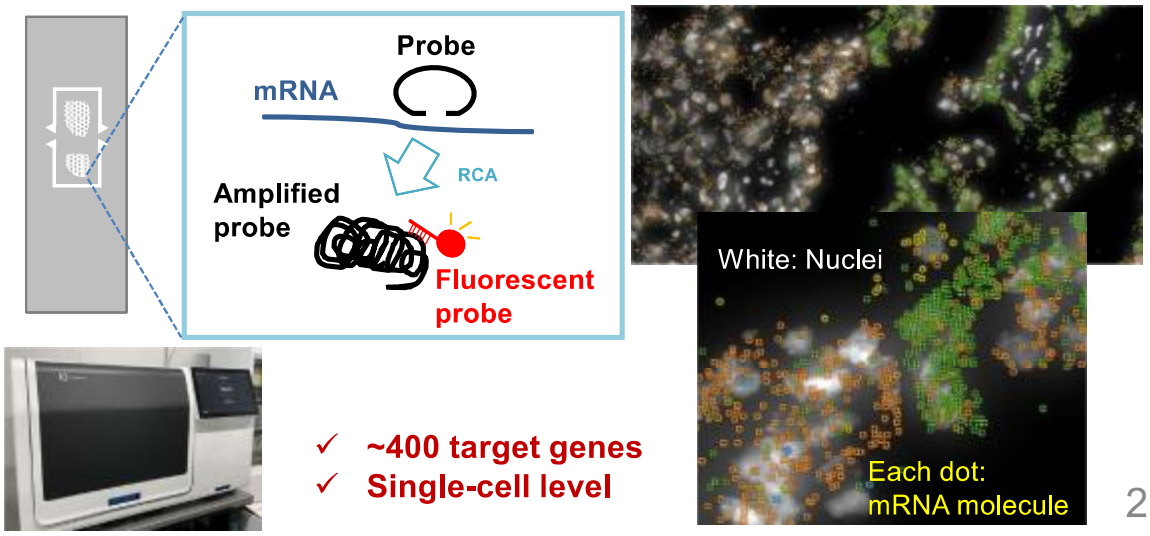


Visium: Spatial transcriptome sequencing



- ✓ 55 μm in a diameter/spot
- ✓ Whole transcriptome

Xenium: In situ gene expression profiling



- ✓ ~400 target genes
- ✓ Single-cell level

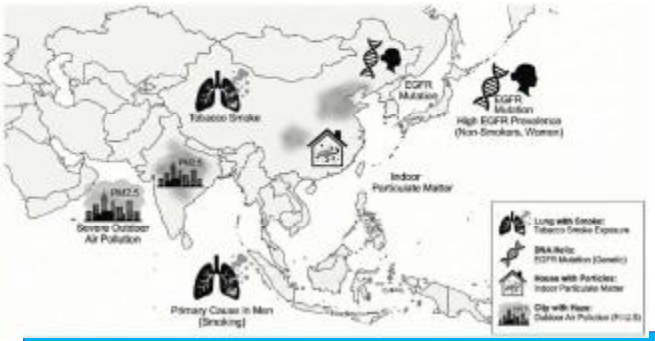
がんの空間データカタログ化に向けての国際コンソシアム

各国での環境要因が影響すると思われるがん

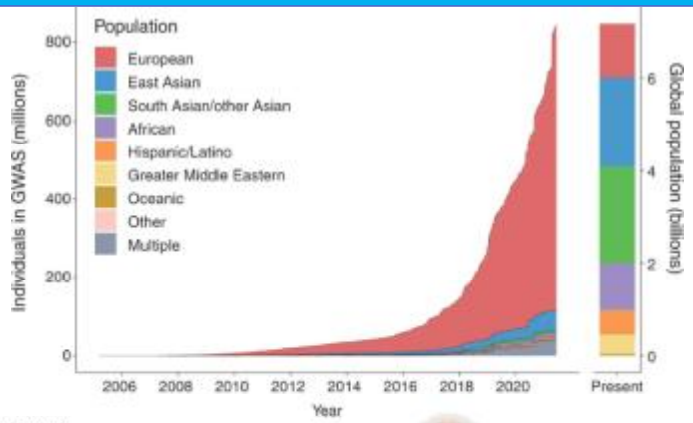
肝がん



肺がん



欧米に比して蓄積が遅れるゲノム関連データ



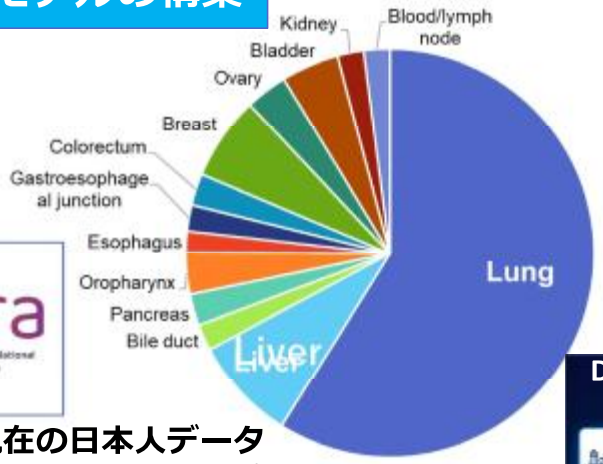
2000症例のがんの基盤モデルの構築



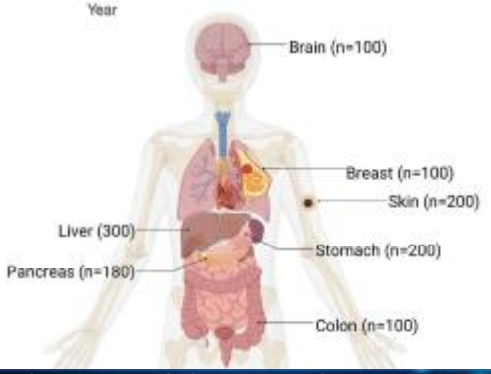
AMED-ASPIRE+Australia NHMRC



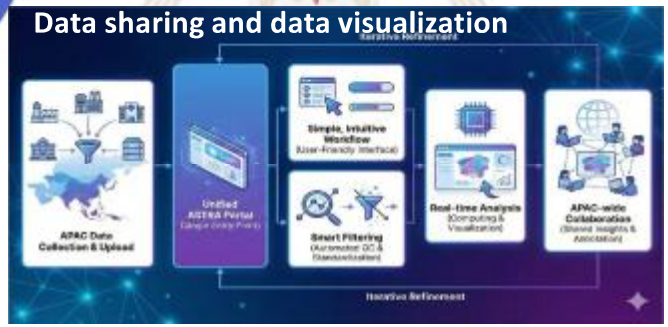




*2026.3*現在の日本人データ
（*241*症例の*mRNA*+タンパク質）

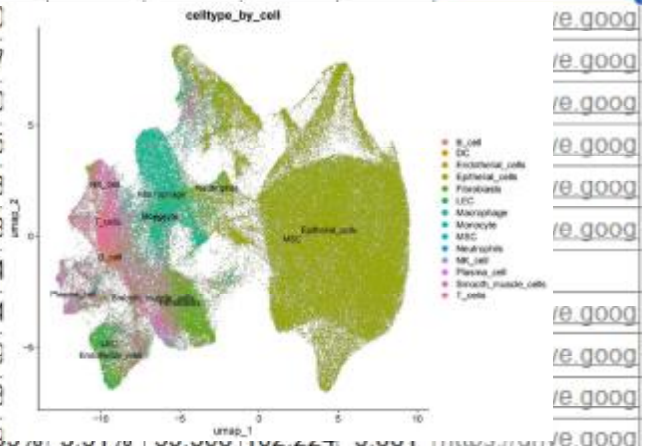




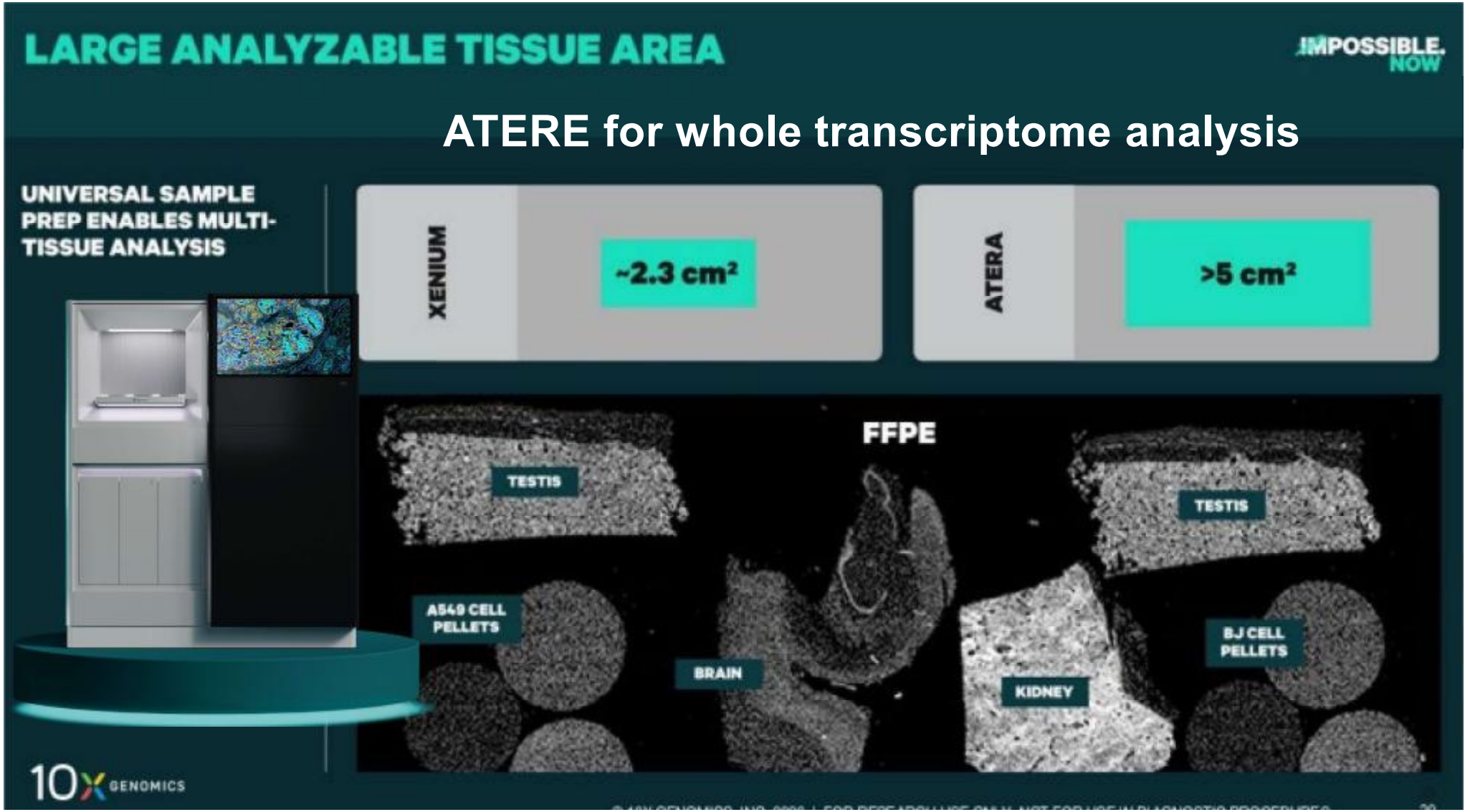


Will be deposited to public database (DDBJ): Hopefully, by Q3 2026

【Xenium-2k】											Segmented cell fraction			Segmented cell count			
No	ID	Region area (μm²)	Total cell area (μm²)	Total high quality decoded transcripts	Fraction of transcripts	Decoded transcripts per 100 μm²	Number of cells detected	Fraction transcripts	Median genes per	Median transcripts	Boundary stain	Interior stain	Nucleus expansion	Boundary stain	Interior stain	Nucleus expansion	【SingleR】UMAP
1	tkbhgnec4	24,107,648	13,025,698	104,535,105	85.05%	714.4848882	151,743	89.03%	225	491	51.48%	46.66%	1.86%	78,122	70,806	2,815	https://drive.goog
2	tkbhgnec9	22,816,355	9,485,496	117,015,230	82.79%	1101.277731	133,942	89.27%	295	678	49.71%	49.0					/e.goog
3	tkbhgnec11	24,121,004	14,099,845	159,300,601	85.38%	1004.985245	173,589	88.95%	269	647	56.41%	42.7					/e.goog
4	jichihgnec23	28,030,378	15,763,599	157,266,484	88.09%	907.1572891	198,080	90.93%	293	631	59.56%	39.0					/e.goog
5	jichihgnec25	30,659,152	11,528,558	108,560,357	86.23%	762.3994731	181,170	80.96%	201	384	34.18%	64.5					/e.goog
6	jichihgnec27	24,555,291	11,370,843	136,626,117	84.89%	990.7271948	138,870	82.45%	268	605	40.53%	55.8					/e.goog
7	jichihgnec28	24,993,819	16,311,790	214,322,392	83.54%	1197.597648	238,908	91.15%	314	719	52.83%	45.8					/e.goog
8	Normal_lung1	27,593,752	4,681,355	53,008,378	79.05%	765.7739373	76,346	67.63%	197	387	16.14%	81.4					
9	tkbhgnec27	24,552,701	13,996,588	103,369,722	86.44%	650.6268225	165,580	88.10%	221	394	25.04%	73.4					/e.goog
10	tkbhgnec28	24,552,598	14,361,123	114,405,291	85.24%	697.3711982	186,590	87.54%	200	416	38.71%	58.9					/e.goog
11	tkbhgnec29	24,548,116	11,064,489	129,642,512	84.50%	1054.609186	187,494	90.01%	263	543	20.30%	74.3					/e.goog
12	tkbhgnec30	24,551,179	12,854,659	142,103,483	85.48%	897.6897706	167,613	81.20%	247	571	35.50%	60.9					/e.goog
13	tkbhgnec31	28,487,715	15,088,814	128,659,226	83.48%	777.5602825	309,228	91.19%	173	300	44.70%	50.81%	4.49%	138,236	157,117	13,875	https://drive.goog
14	tkbhgnec32a	23,698,999	14,308,593	191,021,433	82.45%	1191.866526	179,897	89.28%	296	681	25.30%	72.55%	2.15%	45,514	130,507	3,876	https://drive.goog
15	tkbhgnec32b	25,875,106	15,224,113	206,879,849	80.13%	1210.717606	219,172	89.10%	297	677	37.33%	60.43%	2.23%	81,826	132,449	4,897	https://drive.goog
16	Normal_lung2	31,536,533	4,829,253	52,142,425	79.71%	717.6168935	81,624	66.46%	179	341	16.07%	81.87%	2.05%	13,121	66,826	1,677	



ATERE for whole transcriptome analysis



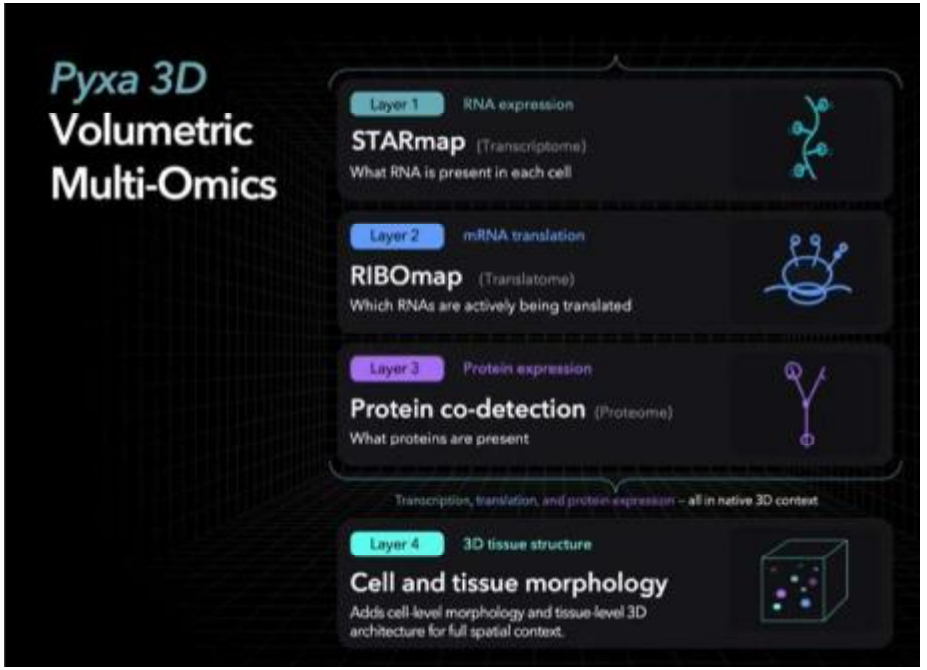
Stellaromics



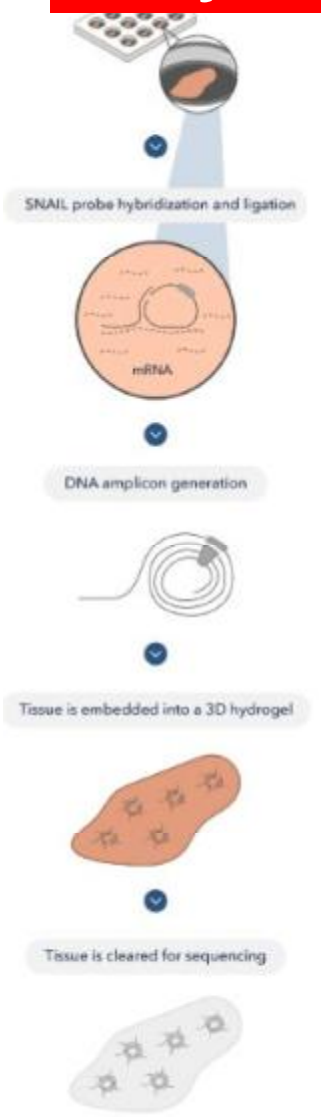
https://stellaromics.com/
https://www.youtube.com/watch?v=jNVC6E4Fvqc

Pyxa, Launched, - Q2 2026 shipping

- the first commercially available platform to deliver multiplexed 3D spatial transcriptomics in intact tissue up to 100 micrometers thick.
- STARmap; Transcriptome
- RIBOmap; Translatome
- ~250 plex panel



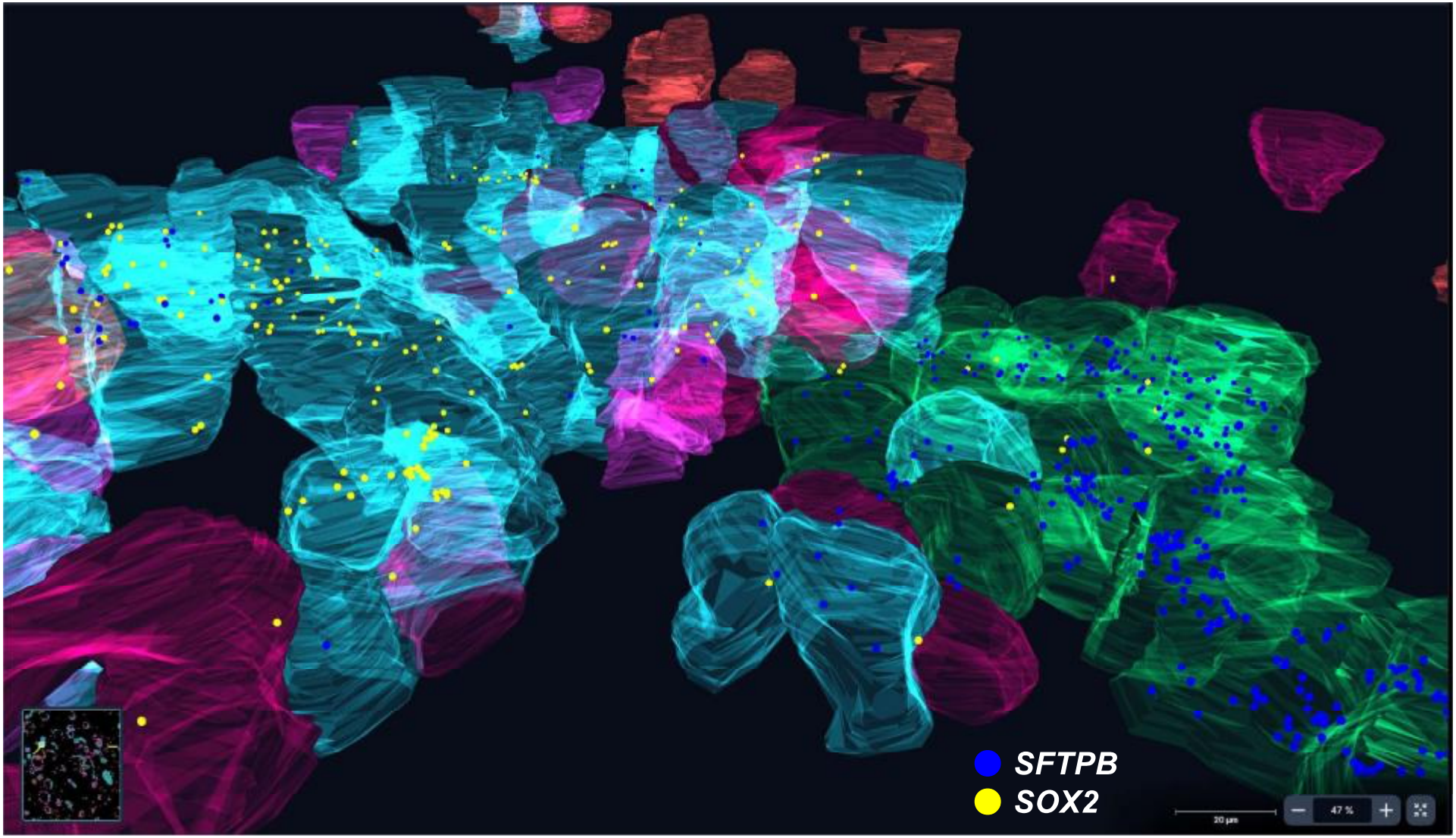
This year?





3D visualization

FDAO, Well 6



Roche

SBX technology

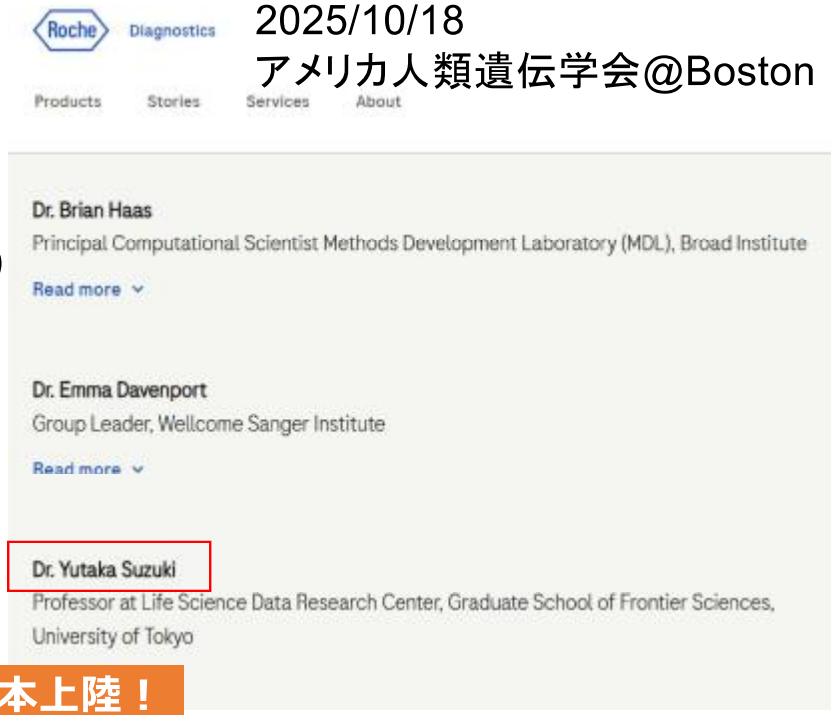
- Read length --- Duplex: 15 - 350 bp insert; Simplex: 50 – 1500 bp+
- Accuracy --- WGS HG001; Q39, F1: 99.80% (SNV), 99.56% (indel)
- Throughput --- WGS for 7 human genomes in 1 hour @ >30x; 500 MBases/second
- Time to result --- Samples to VCF WGS in < 7 hours

Sequencing by expansion (SBX) chemistry

- **Xpandomer (Xp)**: >50x expansion

Step 1: Synthesis --- DNA template → Xp
Step 2: Sequencing --- Nanopore
Kokoris et al. 2025 bioRxiv
Sequencing by Expansion (SBX)

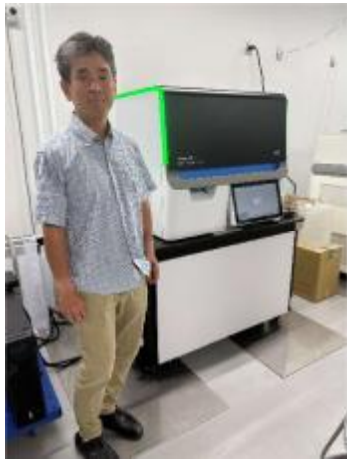
2025/10/18
アメリカ人類遺伝学会@Boston



日本上陸！







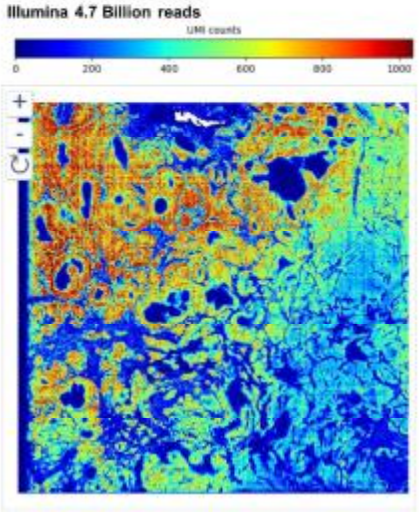
VISIUM HD

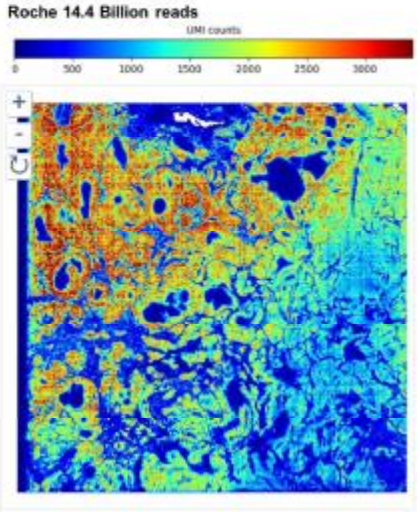
Yield Summary and Read Length Distribution

Observed expected read length ~175 bp and ~14 B reads in 1 hr of sequencing

			All reads (Reads Length ≥ 60)			
Sample ID	XP ID	Run	Num reads (B)	Num bases (Gb)	Mean read length	% end adapter found
Visium HD #1	XP126075	1hr	15.3	2299	150	66.0%
Visium HD #1	XP126076	1hr	14.4	2191	152	69.2%
Visium HD #2	XP126077	1hr	13.9	2128	154	71.2%
Visium HD #2	XP126078	1hr	14.4	2215	154	71.8%

tkbhgnec25





Tokyo University Visium HD
Sample Review
Sample Set: Large cell neuroendocrine carcinoma of the lung (LCNEC)
Kit: 10X Visium HD
# of Samples: 2
Sequencing Depth Required:
- 5B reads/Sample
# of XP Syntheses: 4, 2 reps of each template

Test trial by sending the libraries to Roche, US

AS in the HRAS gene



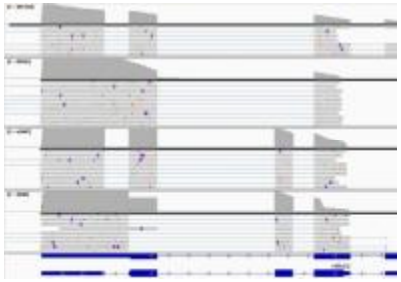
splice variant 1
splice variant 2
splice variant 3
splice variant 4

< HRAS (Transcript length ~1.2 kb)

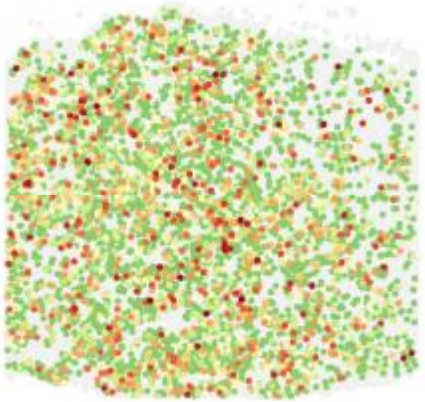
Read Count

variant 1	**361,548(83%)**
variant 2	**22,931 (5%)**
variant 3	**43,997 (10%)**
variant 4	**5,656 (1%)**

Total: 434,132

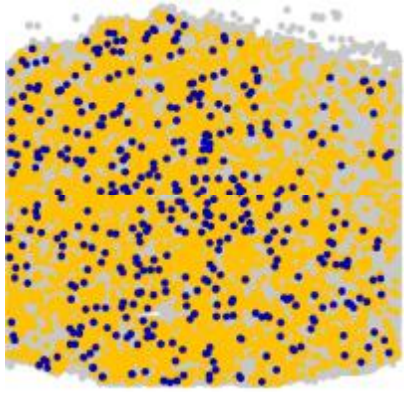


Split STAR BAM

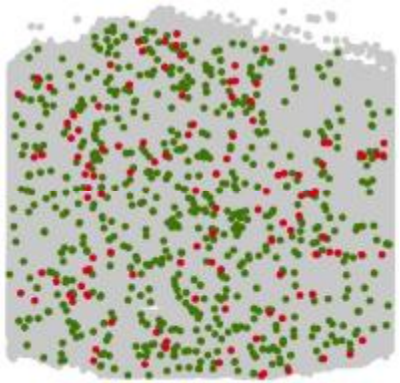


total HRAS expression



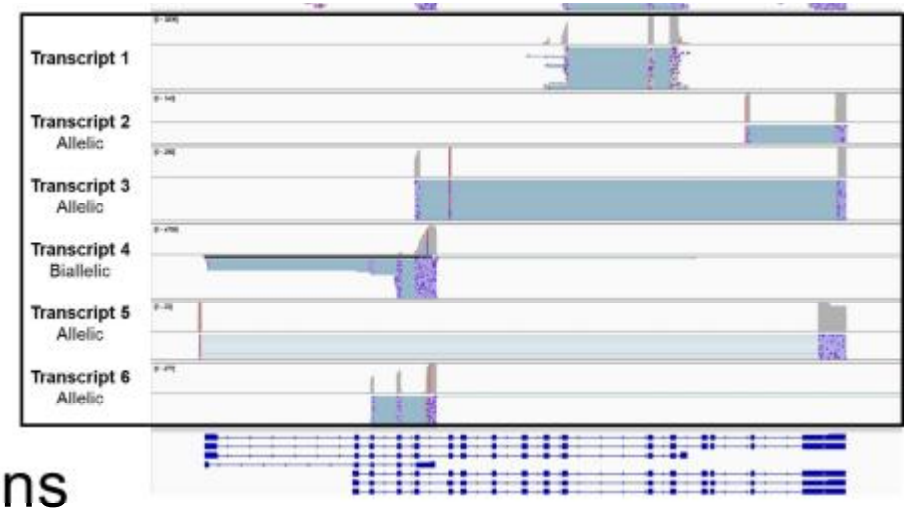


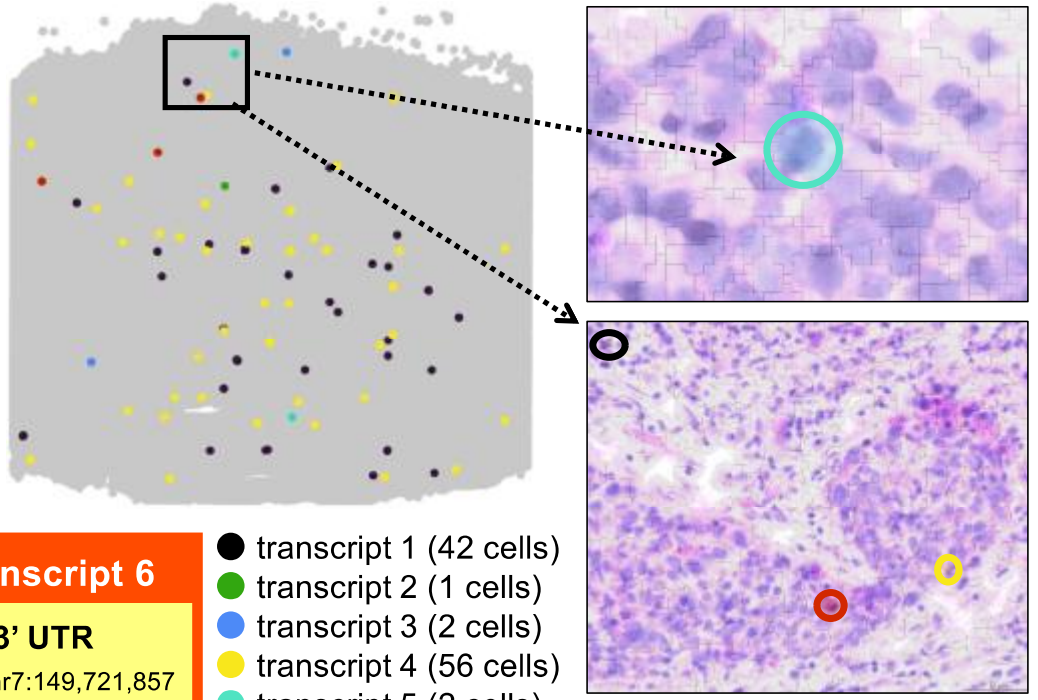
variant 1 (5816 cells)
variant 2 (469 cells)



variant 3 (781 cells)
variant 4 (134 cells)

KRAB1





- transcript 1 (42 cells)
- transcript 2 (1 cells)
- transcript 3 (2 cells)
- transcript 4 (56 cells)
- transcript 5 (2 cells)
- transcript 6 (3 cells)

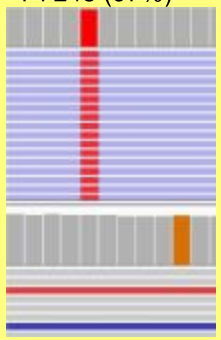
mutations

transcript 3

Gly > Val

chr7:149,722,458
C : 2 (1%)
G : 6 (2%)
T : 248 (97%)

transcript



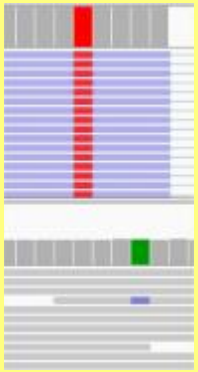
genome

G : 112 (99%)
T : 1 (1%)

transcript 5

5' UTR (?)

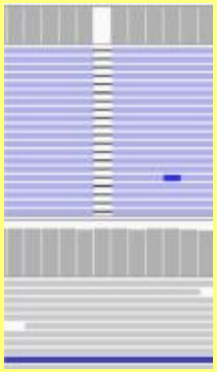
chr7:149,714,843
T : 23 (100%)



A : 55 (100%)

3' UTR

chr7:149,734,227
DEL: 20 (100%)

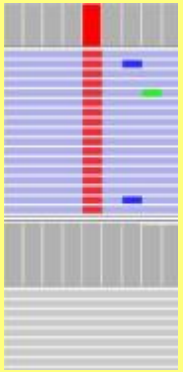


C : 115 (100%)

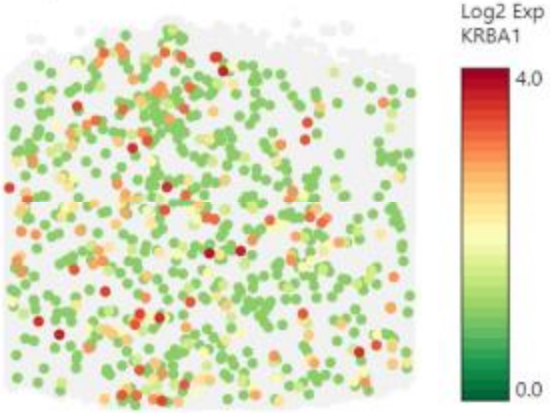
transcript 6

3' UTR

chr7:149,721,857
T : 277 (100%)



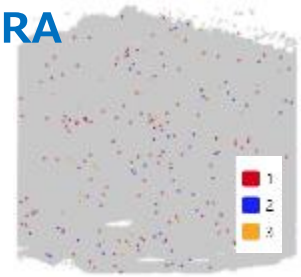
A : 131 (99%)
T : 1 (1%)



total KRBA1 expression

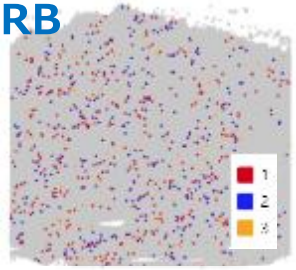
Spatial distribution of major clonotypes

TRA



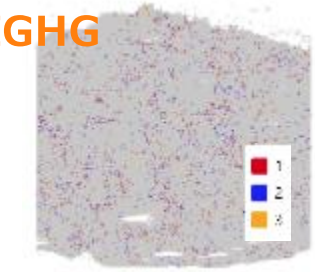
clonotype identifier	frequency (%)	CDR3 amino acid sequence	V gene	D gene	J gene
1	22.8	APPAMP	TRAV27*02	N/A	TRAJ31*01
2	10.3	VGSLGL*V	TRAV12-2*01,TRAV12-2*02,TRAV12-2*03	N/A	TRAJ58*01
3	6.08	VGSLGL*V	TRAV12-1*01,TRAV12-1*02	N/A	TRAJ58*01

TRB



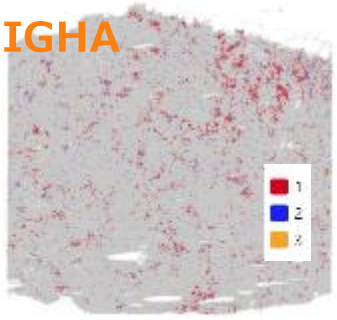
clonotype identifier	frequency (%)	CDR3 amino acid sequence	V gene	D gene	J gene
1	11.7	*FSLCFSSPT	TRBV10-3*01,TRBV10-3*02,TRBV10-3*03	N/A	TRBJ2-1*01,TRBJ2-7*01,TRBJ2-7*02
2	7.86	*FSLCFSSPT	TRBV10-2*01,TRBV10-2*02	N/A	TRBJ2-1*01,TRBJ2-7*01,TRBJ2-7*02
3	3	*FSLCFSSPT	TRBV6-4*01,TRBV6-4*02	N/A	TRBJ2-1*01,TRBJ2-7*01,TRBJ2-7*02

IGHG



clonotype identifier	frequency (%)	CDR3 amino acid sequence	V gene	D gene	J gene
1	2.35	WEST	IGHV4-31*10	IGHD1-26*01,IGHD3-3*01,IGHD3-3*02	IGHJ1*01
2	1.79	WTS	IGHV3-64*01,IGHV3-64*02,IGHV3-64*07	IGHD1-1*01,IGHD1-7*01,IGHD4-11*01	IGHJ2*01
3	1.7	WESNGQPENYY	IGHV4-31*10	IGHD1-26*01,IGHD3-3*01,IGHD3-3*02	IGHJ6*03

IGHA



clonotype identifier	frequency (%)	CDR3 amino acid sequence	V gene	D gene	J gene
1	9.18	SWPTMQEKVSPFFQSSAATRSMLVTAKVVVPWLGSCRDAQVRYFSRGSSCDP	IGHV1-18*01,IGHV1-18*02,IGHV1-18*03	IGHD6-25*01	IGHJ5*02,IGHJ5*03,IGHJ5*04
2	7.02	SWPTMQEKVSPFFQ	IGHV1-18*01,IGHV1-18*02,IGHV1-18*03	IGHD6-25*01	IGHJ1*01
3	5.33	SWPTMQEKVSPFFQSSAATRSMLVTA*VVVPWLGSCWDAQVRYFSRGSSCDP	IGHV1-18*01,IGHV1-18*02,IGHV1-18*03	IGHD2-2*01,IGHD2-2*02,IGHD2-2*03	IGHJ5*02,IGHJ5*03,IGHJ5*04

Announcement of New sequencers

AGBT2026 GENERAL MEETING

Ultima UG200 Ultra



Cost per genome
$80

MGI T7+



$100

Element VITARI



$100

2027?

Roche AXELIOS 1



$150

2026 July?

Illumina NovaSeq Xp



$150~200?

Available!

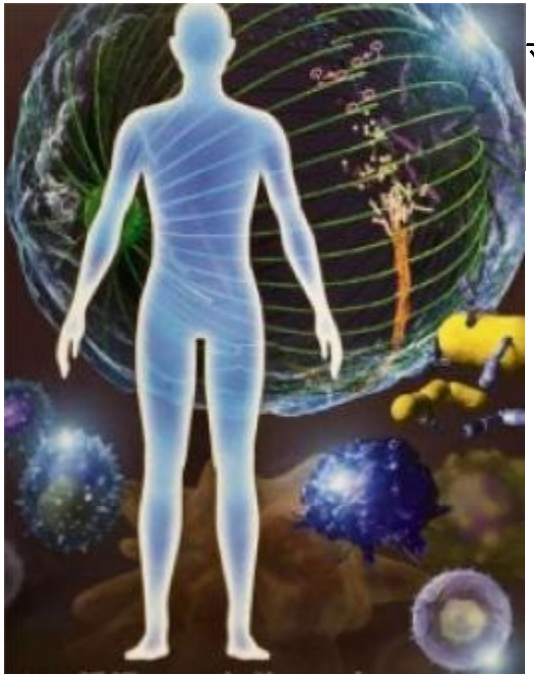


Next Generation NGS

AI時代のゲノム科学：先進大規模基盤を利用したヒト・基盤モデルの構築

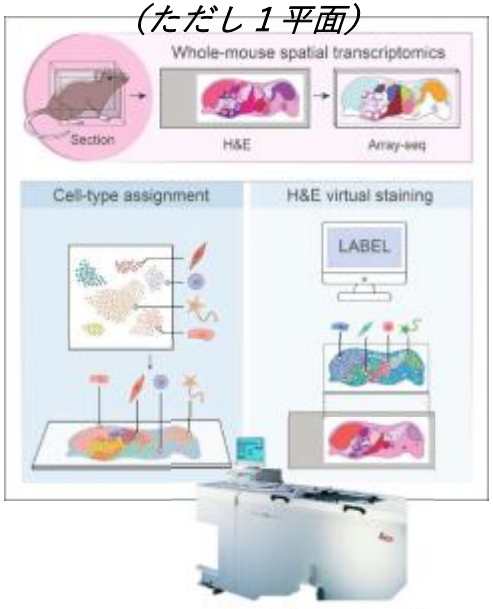
ヒト遺伝子発現基盤モデル

ヒトの全50兆個の細胞のうち、主要臓器の1%(50億個)程度の
遺伝子発現のカタログ化は数年後に現実的に・・・
50億 x 老若男女＝ 200億細胞



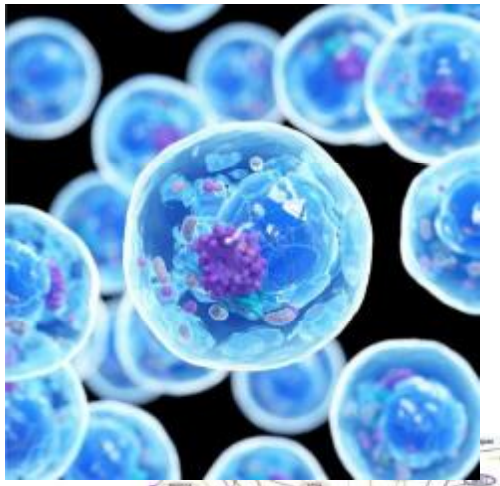
NEWTON別冊（人体と細胞）-ISBN: 978-4-315-52530-4
https://saisachi.com/2023/08/07/humancell_model/

マウス個体の全身遺伝子発現が報告
（ただし１平面）



Clevenger et al Cell, 2026

個々の細胞のモデル化

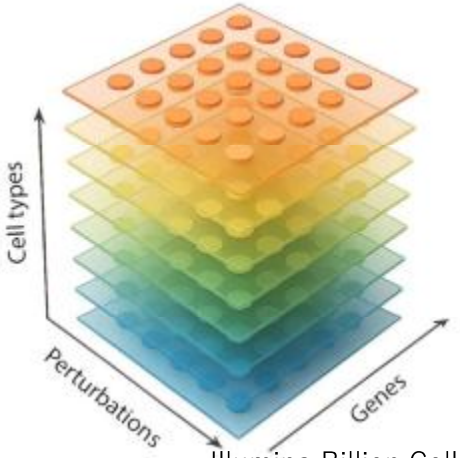




LabCode

遺伝子摂動基盤モデル

全遺伝子2万 x 2 (発現亢進＋抑制)
x 100種類臓器オルガノイド
x 1000細胞/data point
＝40億細胞



Illumina Billion Cell Atlas

遺伝子発現ネットワーク
遺伝子変異モデル
薬剤阻害モデル

網羅的データを基盤モデルに全国の個別研究の活性化！

Flex of VMRC-LCD cell line

- Library prep: GEM-X Flex Human Transcriptome Probe Kit v2
- Sequencing: AVITI24
- Target cells: 1000 cells per sample
- Cell Ranger version: 10.0.0

Number of cells	Confidently mapped reads in cells	Mean reads per cell	Number of reads	Reads confidently mapped to filtered probe set	Sequencing saturation
14,805	0.974	62,885	931,019,691	0.911	0.338

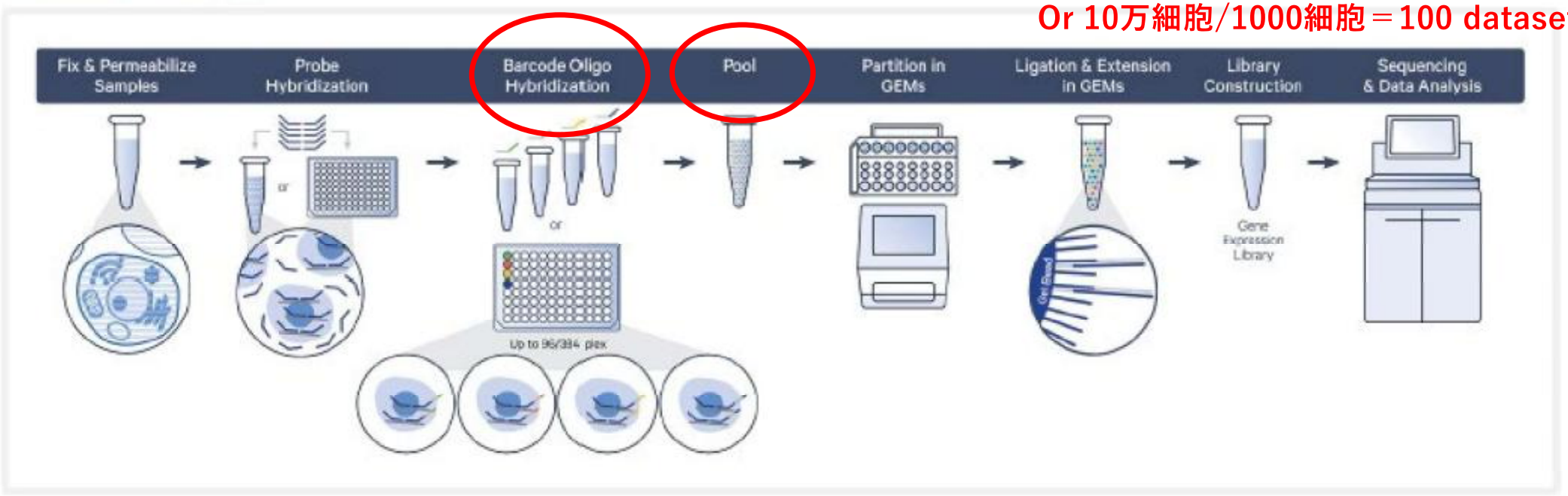
Sample ID	Sample barcodes	Number of cells	Number of reads	Confidently mapped reads in cells	Reads confidently mapped to filtered probe set	Median UMI counts per cell	Median genes per cell
0h	A-A02	377	31,325,780	0.980	0.965	34,359	7,540
Cont_24h	A-B02	1,166	70,541,959	0.971	0.970	29,033	7,136
Cont_48h	A-F02	826	46,106,806	0.982	0.971	30,563	7,013
Cont_72h	A-B03	850	44,191,970	0.968	0.966	27,739	7,014
Cont_96h	A-F03	891	58,323,120	0.981	0.967	31,988	7,285
siRNA_1_24h	A-C02	750	37,467,840	0.971	0.967	26,088	6,833
siRNA_1_48h	A-G02	932	56,549,298	0.977	0.971	30,525	6,843
siRNA_1_72h	A-C03	757	36,151,456	0.969	0.968	26,574	6,864
siRNA_1_96h	A-G03	950	52,949,814	0.982	0.967	30,112	7,105
siRNA_2_24h	A-D02	971	47,049,635	0.975	0.966	25,657	6,718
siRNA_2_48h	A-H02	1,040	50,629,010	0.980	0.967	26,220	6,608
siRNA_2_72h	A-D03	965	39,381,246	0.965	0.968	23,098	6,425
siRNA_2_96h	A-H03	958	37,802,214	0.973	0.968	22,813	6,266
siRNA_3_24h	A-E02	483	22,232,014	0.960	0.963	22,621	6,595
siRNA_3_48h	A-A03	1,130	52,443,368	0.971	0.966	22,839	6,273
siRNA_3_72h	A-E03	810	34,019,474	0.961	0.962	22,580	6,293
siRNA_3_96h	A-A04	949	46,340,088	0.979	0.969	26,420	6,506

GEM-X Flex v2 Human, 16 samples (1000927)
https://assets.10xgenomics.com/m/643558064873c24c/original/CG000834_GEM-X-Flex-v2_Gene-Expression_UserGuide.pdf

Workflow Overview

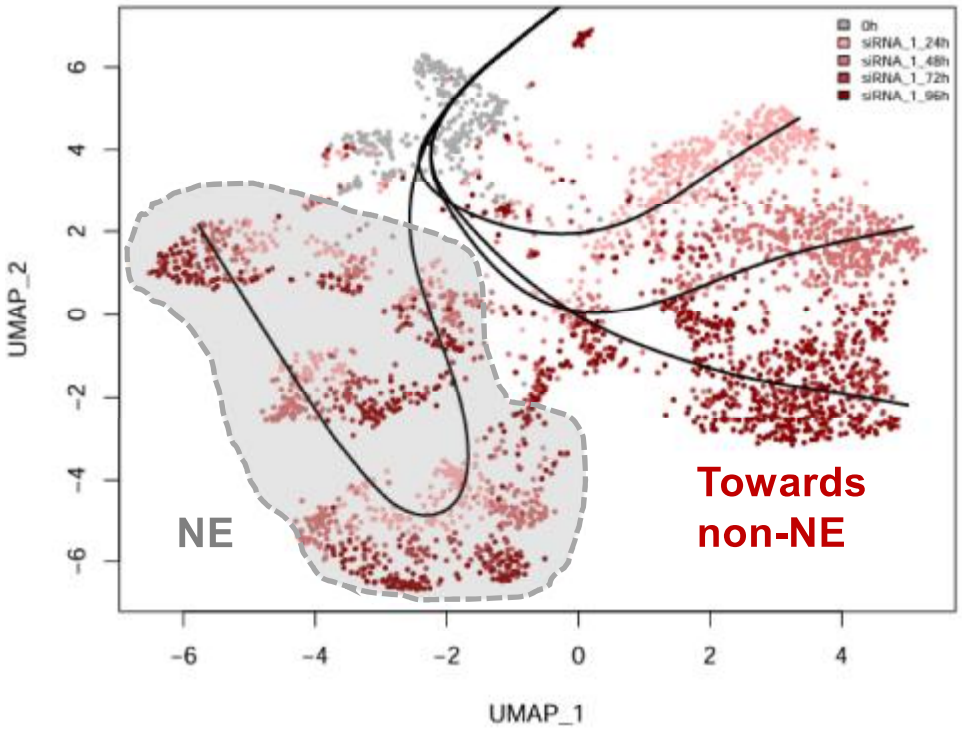
1000細胞 x 16 data point= 1.6万細胞

Or 10万細胞/1000細胞＝100 datasets

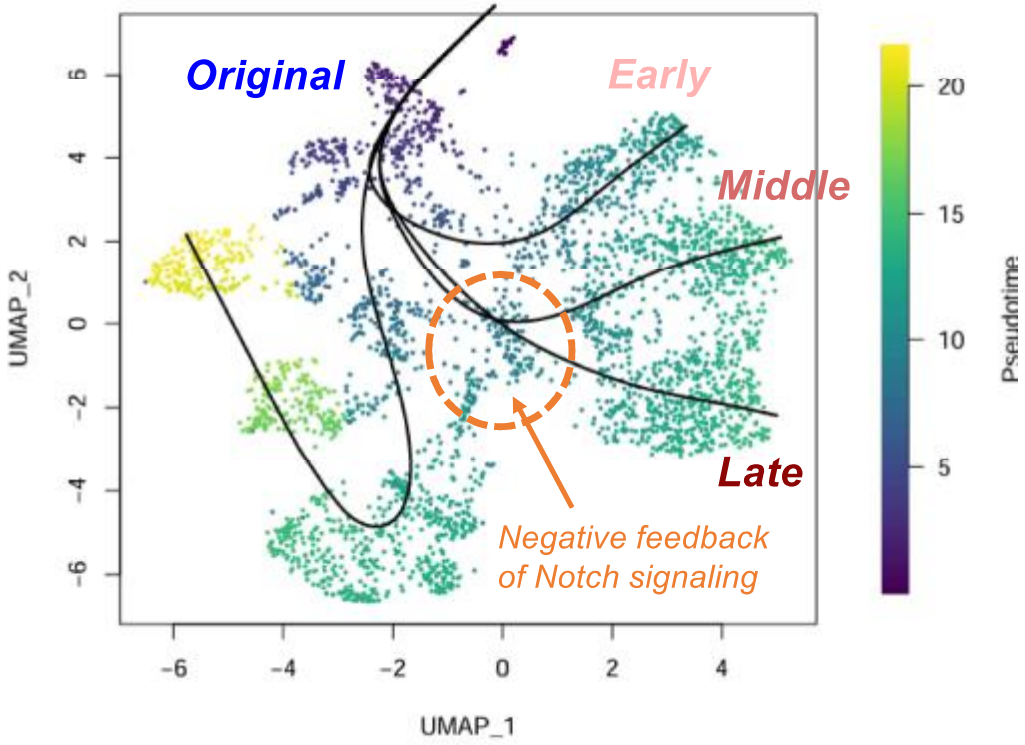


こちらのスライドは阿部さんに作成していただきました

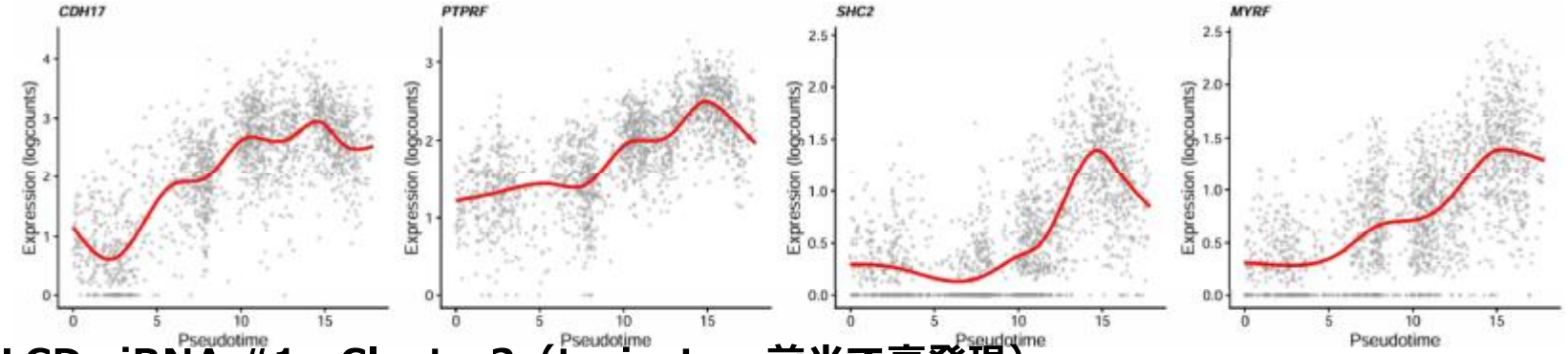
Pseudotime trajectory (VMRC-LCD siASCL1 #1)



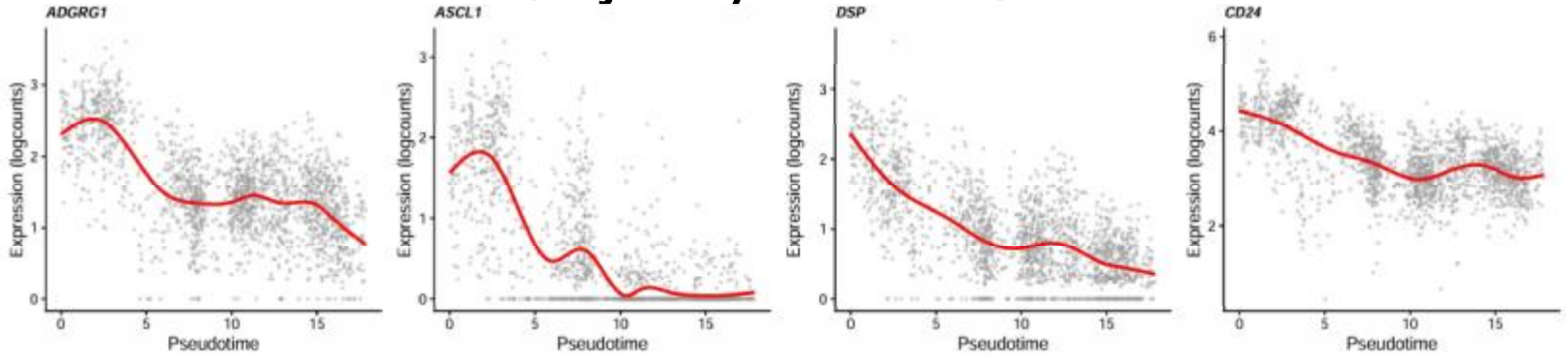
DLL3↑ → DLL3 ⇔ NOTCH1 → *NOTCH1*↑



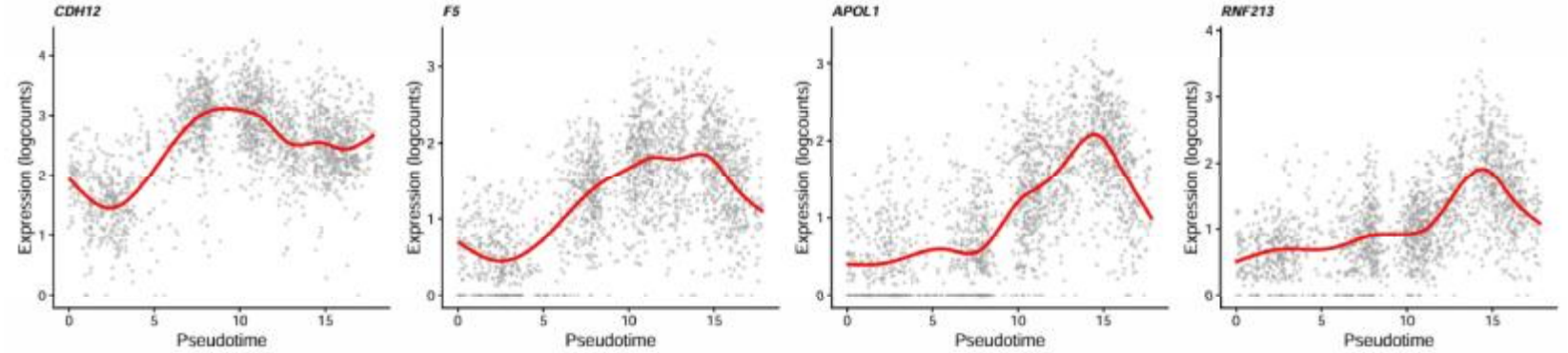
VMRC-LCD siRNA #1 : Cluster1（trajectory後半で高発現）



VMRC-LCD siRNA #1 : Cluster2（trajectory前半で高発現）

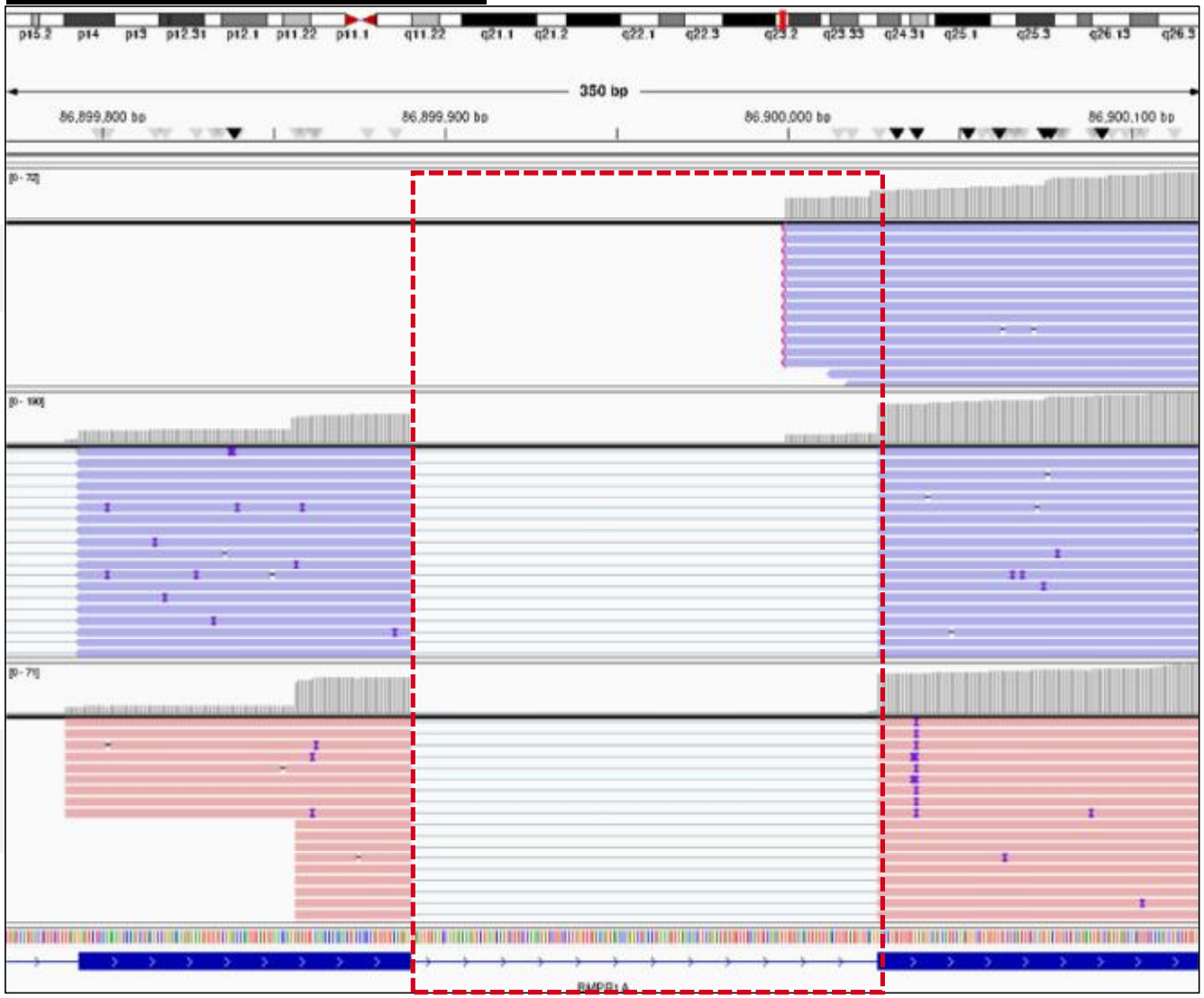


VMRC-LCD siRNA #1 : Cluster3（trajectory中盤で高発現）



VisiumHD 3’
（10B reads）

Splice-aware mapping



容量概算(あくまで１台での試算です）

ROCHE　5Tb/run　>1PB/year

ゲノム支援

CREST性差

SCARDA

ATERA　5Tb/run　>0.5PB/year

革新がん調整費（上野、松田、中川）

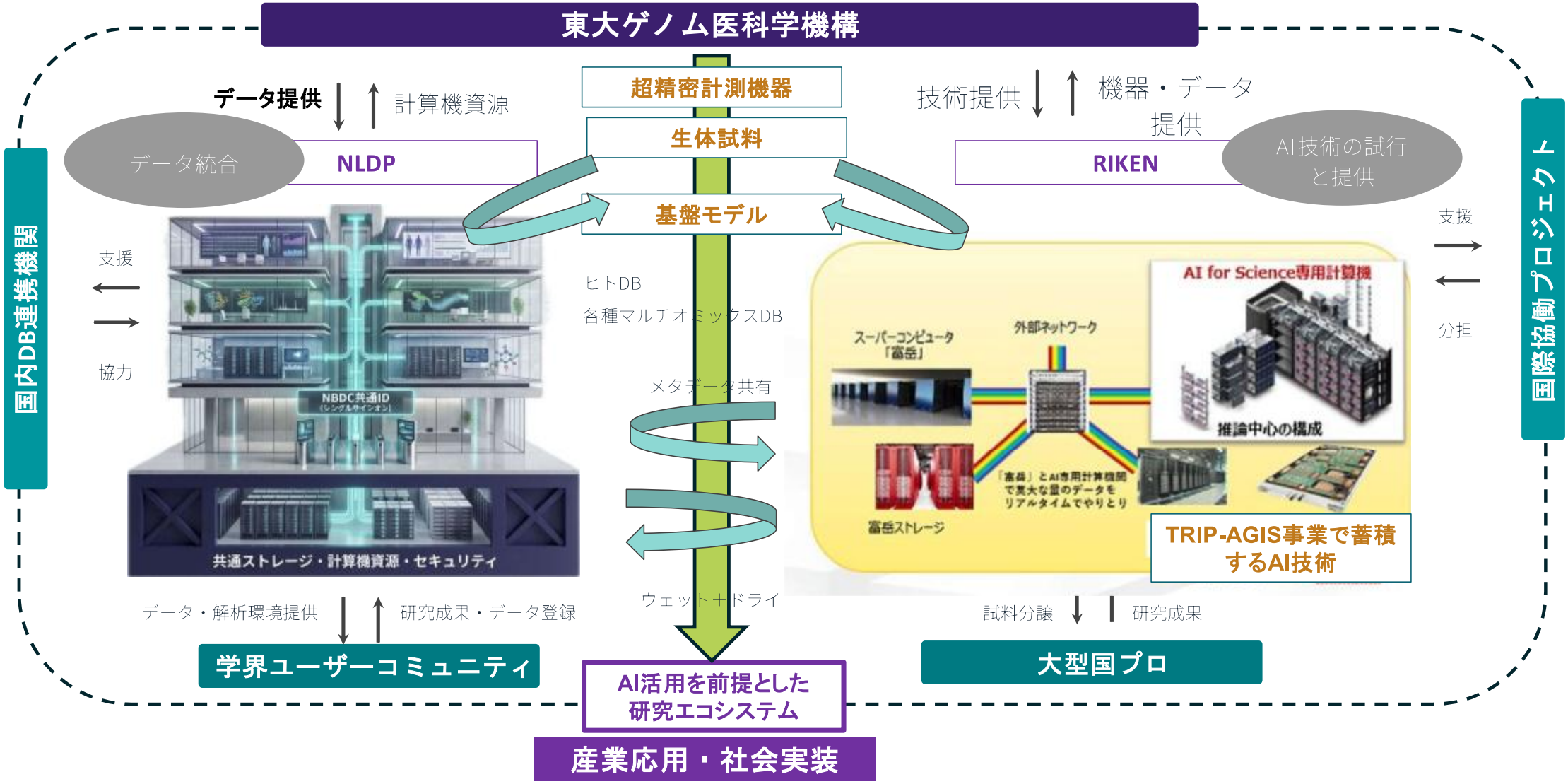
ASPIRE->ASTRA

産学連携（中外、第一三共、小野薬、協和キリンetc)

次世代がん調整費

ゲノム医科学機構とDDBJ/ROIS・RIKENとの基盤データ・技術とリソースの統合

AI関連分散するデータとリソースを国全体で一体的に運用



DOMESTIC ANNOUNCEMENT

ゲノム支援　検索

文科省「最先端技術支援」
先進ゲノム支援 2026年度も支援課題募集

支援の対象となる研究課題

文部科学省・科学研究費助成事業（科学研究費補助金・学術研究助成基金助成金）に採択されている研究課題

支援できる内容

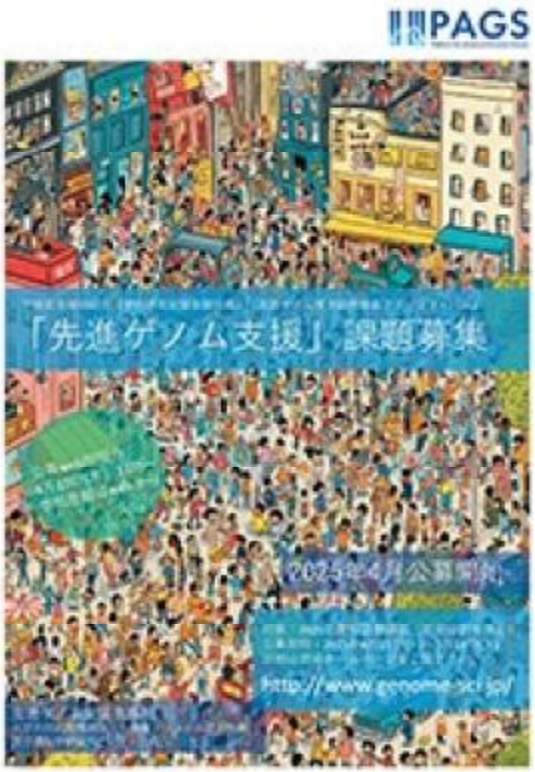
次世代シーケンサーやシングルセル解析装置を駆使した多様な技術による支援を実施します。

●情報解析のみの支援も可能です。

●支援技術一覧：
新規ゲノム解析、変異解析、修飾/エピゲノム解析、RNA解析、
メタ・環境・ホロゲノム解析、シングルセル解析、
空間的オミックス解析、情報解析

公募期間： -

今年度は締め切りましたが、
来年度、またやります。
４月に公募。



詳細は…

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

Genome Technology Research As...

ホーム　組織概要　分科会活動　国際ゲノム会議　個人情報管理について　ご入会お申込み



【ゲノムテクノロジー研究会からのお知らせ】

第16回国際ゲノム会議を開催致します！

日時：2027年7月14日（水）-16日（金）
会場：一橋講堂（東京都千代田区：学術総合センター）

Website coming soon

Top　組織概要　分科会活動　国際ゲ

関連する政府政策

第７期「科学技術・イノベーション基本計画」のポイント

＜現状認識＞

科学技術・イノベーションを巡る情勢
- 基礎研究から社会実装までの加速度的短縮と「科学とビジネスの近接化」
- 破壊的技術を巡る実装競争の激化
- 科学技術・イノベーション政策の「安全保障化」と戦略技術の囲い込み
- ＡＩと科学の融合による研究開発パラダイムの転換
- 国際的な科学技術人材の獲得競争の激化

我が国の課題
- 研究力の低下
  - トップレベル論文数指標の国別ランキング下落：4位(2000年初頭)→ 13位(2021-2023年)
  - 博士号取得者数が減少傾向：1.5万人（2022年度、ピーク時(15年)下）
- 研究開発投資の伸び悩み
  - 官民研究開発投資額：20.4兆円（2021年、ピーク時(14年)下）

＜目指すべき未来社会＞
- 科学技術・イノベーションの強力な推進により、新たな技術領域における成果創出が進展し、持続的な経済成長が確保され、更なる科学技術・イノベーションを生み出す好循環を作り出し、様々な社会課題解決への道筋が提示されるとともに、国家安全保障が確保されている「豊かで安全・安心な社会」
- 誰もが心身ともに「豊かで」「活力があり」「希望にあふれた」人生を送ることができる、一人ひとりの多様なwell-beingにチャレンジし、実現できる社会

＜第７期基本計画の方針＞

科学技術・イノベーション政策の転換
- 科学研究と社会実装の一体的推進
- 国家安全保障政策との有機的連携の強化（デュアルユース技術を含む先端技術の開発研究等の推進）
- 科学技術外交を国家戦略として位置付け

科学技術・イノベーション推進システムの刷新
- ヒト：世界標準の人材システムの構築（高度な専門性を持った人材が行き交う環境を整備）
- カネ：挑戦とイノベーションを支える投資と成果の好循環
- モノと情報：知と価値を創出する共用基盤の高度化（モノ(共有)という価値観、開かれた研究・実装インフラの形成）



科学技術を国力の源泉に
イノベーションを生み出すための日本全体の社会システムの再構築を目指す

トップレベル論文指標 世界第3位へ

第７期基本計画の６つの柱

官民の研究開発投資の拡充
政府目標：60兆円
官民目標：180兆円

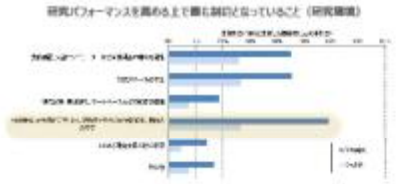
① 知の基盤としての「科学の再興」　③ 産学官を結集するイノベーション・エコシステムの高度化

❷ AI駆動型研究を支えるデータの創出・活用基盤の整備

- AI for Scienceの実現のためには、**より多くの研究者がAIを活用した研究環境を利用**でき、データの収集、解析の標準化も含め**高品質かつ大量のデータを継続的に生み出す研究システムの構築**が重要。
- そのためには、最先端の研究設備を集積し、研究設備の自動/自律化、遠隔化による、**大規模なオートメーション/クラウドラボの形成を実現する拠点の形成が必要不可欠**。
- また、高品質な研究データを創出・活用するため、全国の研究大学等において、**コアファシリティを戦略的に整備**するとともに、**先端的な研究設備・機器の整備・利活用・高度化・開発**を推進する。

技術技能系職員、URA等の支援人材の少なさ

- 研究パフォーマンスを高める上で、「研究機器、研究資料等を活用、維持するための研究補助者、技能者の不足」や「研究機器の利用可能性」が制約となっていると研究者自身が感じている。
- 研究者を支える技術技能系職員数は40年前の半分以下であり、外部資金獲得や組織運営業務等を行うリサーチ・アドミニストレータ(URA)も未だ少数。主要国と比較しても関連人材が少ない。









研究システムの刷新・組織の機能強化（イメージ）



ゲノム関連計測による産業コアの創出



診断機器：「ゲノム情報でより正確な層別化ができるのでは？」
商品：「ゲノム情報で、その人によりあった商品を届けられるのでは？」

KOGの将来展望

企業コンソによるバイオテククラスター

-データ産生基盤

-大型公的研究：科研費ゲノム支援、AMED革新がん/次世代がん、CREST、GRIFIN、脳統合etc

-企業研究：製薬、バイオテク、スタートアップ、宇宙

-情報インフラ（現行のもの）

-解析ツール群の整備

-機微性の高い計算機環境

-公的DB（DDBJ/ROIS）とのつなぎこみ

-TREを通じた横展開

-医療DXの試行の場

