

文部科学省 科学研究費 学術変革領域研究「学術研究支援基盤形成」

生命科学4プラットフォーム
支援説明会・
成果シンポジウム

抄録集

2026年4月27日(月) 13:00~17:45

弥生講堂 一条ホール(東京大学農学部内)

現地およびZOOMによる
ハイブリッド開催

科研費研究を
最先端の技術で
支援します



文部科学省 学術変革領域研究 学術研究支援基盤形成
生命科学連携推進協議会
Committee on Promoting Collaboration in Life Sciences

<https://square.umin.ac.jp/platform/>

Program プログラム

総合司会: 真下 知士(東京大学 医科学研究所)

13:00 ~ 13:05 **開会挨拶** 武川 睦寛(東京大学 医科学研究所)

13:05 ~ 13:10 **来賓挨拶** 板倉 寛(文部科学省 研究振興局 学術研究推進課課長)

13:10 ~ 14:35 **支援説明会**

13:10 ~ 13:30



先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム

黒川 顕(国立遺伝学研究所)

13:30 ~ 13:50



コホート・生体試料支援プラットフォーム

醍醐 弥太郎(東京大学 医科学研究所)

若井 建志(名古屋大学)

齊藤 祐子(東京都健康長寿医療センター)

中枋 昌弘(名古屋大学)

13:50 ~ 14:10



先端バイオイメージング支援プラットフォーム

伊佐 正(生理学研究所)

真野 昌二(基礎生物学研究所)

14:10 ~ 14:30



先端モデル動物支援プラットフォーム

清宮 啓之(がん研究会)

八尾 良司(がん研究会)

二口 充(山形大学)

池田 和隆(国立精神・神経医療研究センター)

旦 慎吾(がん研究会)

14:30 ~ 14:35

社会との接点活動

加藤 和人(大阪大学)

14:35 ~ 15:23 **イノベーション・エッジ: 最新の支援技術紹介**

座長: 武川 睦寛(東京大学 医科学研究所)

14:35 ~ 14:47

AdAMS **miRNAによる遺伝子ネットワーク制御機構の解析とそれを応用した創薬への取り組み**

演者: 田原 栄俊(広島大学)

14:47 ~ 14:59

PAGS **先進ゲノム支援: シングルセル・空間解析新技術**

演者: 金井 昭教(東京大学)

14:59 ~ 15:11

CoBiA **大規模コホート研究からの新しいデータ(プロテオーム、地理的剥奪指標)と解析環境(症例コホート解析)の提供**

演者: 松尾 恵太郎(愛知県がんセンター)

15:11 ~ 15:23

ABIS **ボリューム電子顕微鏡による3次元微細構造と遺伝子発現情報の統合パイプライン構築**

演者: 大野 伸彦(生理学研究所)

15:23 ~ 15:40 **休憩**

15:40 ~ 17:40 **成果シンポジウム**

15:40 ~ 16:10

PAGS **空間オミクス解析が明らかにするリンパ腫微小環境の多様性**

演者: 坂田 麻実子(筑波大学)

座長: 鈴木 穰(東京大学)

16:10 ~ 16:40

CoBiA **コホート臨床検体を対象とした統合オミクス解析とエピゲノム創薬**

演者: 山岸 誠(東京大学)

座長: 醍醐 弥太郎(東京大学 医科学研究所)

16:40 ~ 17:10

ABIS **条件付き敵対的生成ネットワークで生成した触覚情報と視覚情報の統合による触感再現システム**

演者: 竹村 研治郎(慶應義塾大学) / 舟橋 啓(慶應義塾大学)

座長: 東島 眞一(基礎生物学研究所)

17:10 ~ 17:40

AdAMS **DNA損傷とp53非依存的アポトーシスをつなぐリボソーム生合成障害**

演者: 村井 純子(愛媛大学先端研究院プロテオサイエンスセンター)

座長: 旦 慎吾(がん研究会)

17:40 ~ 17:45 **閉会挨拶** 黒川 顕(国立遺伝学研究所)

学術研究支援基盤形成における 生命科学連携推進協議会の活動について



文部科学省 科学研究費 学術変革領域研究 学術研究支援基盤形成
生命科学連携推進協議会

研究支援代表者 **武川 睦寛** (東京大学 医科学研究所)

近年、生命科学研究の分野においては、マルチオミクス解析、分子/生体イメージング、ゲノム編集技術、モデル動物作製、生体試料バンクの整備と活用、データ・情報科学の導入などに代表される、新たな解析手法や技術が急速に発展するとともに、研究に必要な解析機器も高度化・大型化しており、研究者が個々人でこれらの全てに対応することが困難な状況が生まれています。このような状況を打開し、我が国の生命科学研究を強力に推進するため、令和4年度から新たに学術変革領域研究の枠組みで『学術研究支援基盤形成』が創設されました。これは、文部科学省/日本学術振興会の科研費で実施している研究課題に対して、先進的な技術支援やリソース支援等を行って、個々の研究を強力にサポートするとともに、研究者間の連携を図り、異分野融合や人材育成を一体的に推進して我が国の学術研究のさらなる発展に資することを目的とした制度です。

この目的を実現するため、大学共同利用機関、共同利用・共同研究拠点を中核とする関係機関が緊密に連携して「学術研究支援基盤」を形成しています。その前身は、平成22年に新学術領域研究として始まった『生命科学系3分野(がん、ゲノム、脳)支援活動(平成22~27年度)』および『学術研究支援基盤形成(平成28~令和3年度)』であり、令和4年度から、これらをさらに発展・強化する形で全国規模の支援グループが組織され、一体となって本事業に取り組んでいます。

生命科学連携推進協議会では、本事業の中核を担う4つのプラットフォーム(PF)、即ち、「先進ゲノム解析研究推進PF(PAGS)」、「先端バイオイメーjing支持PF(ABIS)」、「先端モデル動物支援PF(AdAMS)」ならびに「コホート・生体試料支援PF(CoBiA)」が緊密に連携出来るよう、総括班を構成し、PF横断的な運営を推進しています。事務局機能を東京大学医科学研究所が担い、組織の機動性を確保するとともに、各PFの代表および幹事が総括班を構成(計21名)することで、支援機能や組織運営の一体化、効率化を図り、全国の研

究者に先進的技術支援を安定的に提供する体制を構築しています。また、総括班に加えて「社会との接点活動班」を設け、研究に付随する倫理問題を含むELSI(倫理的・法的・社会的課題)に関する相談・講習や、研究成果の情報発信およびアウトリーチを主とした活動をPF横断的に実施しています。



総括班

- 4プラットフォームによる支援活動の更なる充実と効率化
- 支援対象研究者への周知と利用促進に向けた活動
- 支援活動や研究成果の国民・社会への広報

社会との接点活動班

- ヒト試料等を用いる研究倫理支援
- 国民への情報発信・アウトリーチを主とした活動

外部評価
委員会



CoBiA
コホート・生体試料
支援プラットフォーム
研究支援代表者
醍醐 弥太郎
東京大学
医科学研究所



ABIS
先端バイオイメーjing
支援プラットフォーム
研究支援代表者
伊佐 正
生理学研究所/
基礎生物学研究所



AdAMS
先端モデル動物
支援プラットフォーム
研究支援代表者
武川 睦寛
東京大学
医科学研究所



PAGS
先進ゲノム解析
研究推進プラットフォーム
研究支援代表者
黒川 顕
国立遺伝学研究所

こうした取組を重ねる中で、本事業は開始から4年が経過し、6年間の事業期間のうち残すところ2年となりました。この間、各PFの支援体制および連携体制が着実に深化し、支援対象となった研究の多くが論文として公表されるなど、具体的な成果が蓄積されています。今後は、これまでに構築してきた支援基盤をさらに発展させ、本事業の総括に向けて、支援の質・量の一層の向上と支援体制のさらなる高度化を図り、事業後半の取組を加速してまいります。生命科学に携わる研究者の皆様には、是非、本支援事業を積極的にご活用頂き、ご自身の科研費研究の発展に役立てるとともに、その成果を世界に向けて発信して頂きますようお願い申し上げます。また、社会に対しても研究成果を分かりやすい形で発信し、国民の皆様との科学・技術に関する対話を推進して頂けましたら幸いです。

令和8年4月

先端モデル動物支援プラットフォーム

miRNAによる
遺伝子ネットワーク制御機構の解析と
それを応用した創薬への取り組み

広島大学大学院医系科学研究科
細胞分子生物学研究室

田原 栄俊



microRNA (miRNA) は、細胞内の遺伝子発現を精密に調節する重要な因子であり、1つのmiRNAが複数の遺伝子を標的とすることで、複雑な遺伝子ネットワークの制御を担っています。本支援では、トランスクリプトーム解析やRIPシークエンスなどの先進的な技術を活用し、miRNAがどのように遺伝子ネットワークを制御しているかを支援しています。特に、がん細胞におけるmiRNAの役割に注目し、がん抑制ネットワークの破綻に関連するメカニズムを明らかにすることに貢献しています。

さらに、これらの知見を基に、miRNAを活用した核酸医薬の開発を進めています。具体的には、miRNAの標的遺伝子を特定し、それを基盤とした新規抗がん剤治療法の作用機序 (MOA) の解明に貢献しています。このアプローチは、がん治療において有望な成果を示しており、すでに臨床試験段階に進んでいます。特に、悪性胸膜中皮腫や頭頸部がんを対象としたマイクロRNAの核酸医薬「MIRX002」の臨床応用において、がん幹細胞や抗がん剤耐性がん細胞を抑制する顕著な効果が確認されています。

また、MIRX002のMOAの解明において、miRNAが複数の遺伝子を標的とする特性を活かし、腫瘍増殖抑制メカニズムを明らかにしました。具体的には、がん幹細胞や抗がん剤耐性がん細胞を標的とすることで、腫瘍の根本的な抑制を可能にし、正常細胞を傷つけずにがん細胞を選択的に攻撃する治療法の実現に貢献しています。この成果は、悪性胸膜中皮腫や頭頸部がんを含む多様ながん治療における新たな可能性を切り開くものです。

本発表では、miRNAによる遺伝子ネットワーク制御の解析手法とその成果、さらに核酸医薬への応用例について紹介し、生命科学研究における技術支援の可能性を議論します。

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム

先進ゲノム支援：
シングルセル・空間解析新技術

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

金井 昭教



近年、空間トランスクリプトーム解析は目覚ましい技術開発が行われている。Xeniumは5000遺伝子、CosMxは全トランスクリプトーム、Visium HDでは全トランスクリプトーム解析がシングルセル、サブセルラーの解像度で解析可能となっている。当研究室ではこれら空間トランスクリプトーム解析に使用した同一切片をPhenoCycler-Phusionシステム、CellScope等を用いて多重免疫組織化学染色を行うことで、細胞セグメンテーションの更なる改善、低頻度の遺伝子発現で判別の難しい細胞種のタンパク質マーカーによる同定、リン酸化タンパク質解析、リガンド-レセプタータンパク質の局在解析など様々な応用に用いている。こういった空間解析機器を組み合わせ、がん細胞と周囲の間質細胞のマルチオミクス解析を行っており、その解析事例を交えて紹介を行う。

また、シークエンスベースの空間トランスクリプトーム解析やシングルセル解析の大規模化にともないシークエンスそのもののスループットも必要となってきている。そのような状況の中で様々なシークエンサーも発表されており、我々もショートリードシークエンサーElement Biosciences社のAVITI 24などシークエンスクオリティとコストのバランスの取れた機器の導入を行ってきた。さらにRoche社からはエクスパンダー技術を用いたAXELIOS1が発表されてきており、これらの機器から得られたシングルセル、空間解析についても紹介する。このようなゲノム解析における最新機器、技術の実際について参加者の皆様方と共有させていただきたい。

コホート・生体試料支援プラットフォーム

大規模コホート研究からの
新しいデータ(プロテオーム、地理的剥奪指標)と
解析環境(症例コホート解析)の提供

愛知県がんセンター
がん予防研究分野
松尾 恵太郎



本発表では、コホート・生体試料支援プラットフォームから新たに提供を開始する支援内容として、J-MICC研究を基盤とした「大規模コホート研究からの新規データおよび解析環境」の整備について紹介する。J-MICCは全国規模で約10万人を対象とした前向きコホートであり、生活習慣、遺伝情報、臨床情報を統合した多層的データ基盤を有する。

本取り組みでは、従来の疫学データに加え、約2,000名を対象とした網羅的プロテオームデータおよび全参加者を対象とした地理的剥奪指標を整備した。プロテオームの導入により、生活習慣や遺伝要因と関連する血中タンパク質バイオマーカーの探索が可能となり、曝露から生体反応、疾患発症に至る分子メカニズムの解明が期待される。また、地理的剥奪指標の統合により、社会経済状況という上流決定要因を定量的に捉え、健康格差や疾病リスクの社会的分布の解析を推進する。

さらに、本プラットフォームでは、SNPアレイ測定を基盤としたケースコホート設計による解析環境を提供する。サブコホートと発症症例を組み合わせて網羅的SNP解析をすることで、コホート規模を活かしつつゲノム情報を用いたリスク評価を効率的に実施可能とする。これにより、遺伝要因と環境要因の相互作用解析や希少アウトカムの検討を現実的に行うことができる。本設計は、大規模コホートとゲノム解析を橋渡しする実践的基盤として位置づけられる。

先端バイオイメージング支援プラットフォーム

ボリウム電子顕微鏡による
3次元微細構造と遺伝子発現情報の
統合パイプライン構築

生理学研究所
生体機能調節研究領域
大野 伸彦



ボリウム電子顕微鏡 (volume electron microscopy) は数十マイクロメートルから数ミリメートルにわたる領域を対象に、ナノメートルスケールの分解能で連続電子顕微鏡画像を高いスループットで取得し、解析する手法である。あらかじめ準備した連続切片を電子顕微鏡で観察する手法の他、試料表面を集束イオンビームや内蔵ダイヤモンドナイフで順次切削しながら走査型電子顕微鏡で撮像する方法など、異なる特徴をもつ複数の手法が用いられている。近年、ボリウム電子顕微鏡による三次元形態データを、分子の分布や遺伝子発現の情報と統合的に解析するアプローチが注目を集めている。こうしたアプローチには、免疫電子顕微鏡法の発展・応用や、蛍光顕微鏡データの取得に続いて得られた電子顕微鏡データを重ね合わせる光電子相関顕微鏡法 (correlative light and electron microscopy; CLEM)、新たに開発された人工プローブを発現させて電子顕微鏡画像上で可視化する手法があり、それぞれに適したパイプラインが構築されてきた。こうしたアプローチによって、従来は形態学的特徴のみに基づいて均一な集団として扱われてきた構造群を、遺伝子発現プロファイルや特定分子の局在情報と対応させることで、機能的に異なるサブタイプへと分類できる。そして、その分類をふまえて各集団に特有の細胞内オルガネラ構造、細胞間の接続様式、あるいは周囲の微小環境の差異を精緻に解析することが可能になってきている。本講演ではこうした技術の特徴やそれを用いた支援の一部をご紹介します、その有用性を共有したい。

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム
空間オミクス解析が明らかにする
リンパ腫微小環境の多様性



筑波大学 医学医療系 血液内科学
坂田 麻実子

濾胞性リンパ腫 (follicular lymphoma, FL) は悪性リンパ腫の中で2番目に多く、化学療法や抗体薬などを組み合わせた治療が行われる。臨床経過は一般に緩徐であるものの、現在の治療では根治が困難であることから、しばしば「慎重な経過観察」が行われる。興味深いことに、FLでは経過観察中に自然消退することがあり、外的刺激等の微小環境との相互作用が腫瘍の進展において極めて重要であると考えられる。FLの病理組織は腫瘍性濾胞構造の増生を特徴とし、FL免疫微小環境におけるT細胞の重要性が指摘されてきた。しかしながら、FLにおける濾胞T細胞の多様性、とりわけT follicular helper (TFH) 細胞以外の濾胞T細胞の実態や機能については、十分に解明されてこなかった。

本研究では、pan-cancer単一細胞マッピング、一細胞解像度の空間トランスクリプトーム解析、多重タンパク組織染色解析を組み合わせたマルチオミクス解析により、FLにおける濾胞T細胞の特性を包括的に解析した。その結果、FLにおいて新たな濾胞T細胞サブセットが拡大していることを同定した。これらの細胞集団は抗腫瘍性活性を有し、腫瘍組織内で独自の空間ニッチを形成していた。さらに、これらの濾胞T細胞サブセットはIL-21シグナル依存的に分化誘導された。加えて、これらの濾胞T細胞サブセットは既存の予後指標とは独立してFLの予後を層別化することが明らかとなった。

本研究は、FLにおいてこれまで認識されていなかった濾胞T細胞免疫の存在を明らかにするものであり、FLに特有の臨床経過を説明し得る可能性がある。今後は、FLの病態理解を基盤として、予後層別化に基づく新たな治療戦略の構築につながることを期待される。

*本研究における空間マルチオミクス解析の立ち上げにあたり、先進ゲノム支援の多大なるご支援に深く感謝申し上げます。

坂田 麻実子

職歴

- 2000年 東京大学医学部附属病院 内科研修医
- 2001年 東日本電信電話株式会社関東病院 レジデント
- 2002年 東京大学医学部附属病院 医員
- 2007年 東京大学 大学院医学系研究科 医学博士課程(内科学専攻)修了
- 2007年 東京大学医学部附属病院 医員
- 2008年 筑波大学附属病院 医員
- 2008年 筑波大学 大学院人間総合科学研究科 講師
- 2011年 筑波大学 医学医療系 血液内科学 講師
- 2013年 筑波大学 医学医療系 血液内科学 准教授
- 2021年—現在 筑波大学 医学医療系 血液内科学 教授
筑波大学 トランスオーダー医学研究センター 教授 兼任
- 2021年—現在 筑波大学附属病院 血液内科長

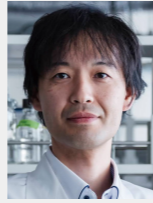
参考文献

1. Abe Y, Zenkoh J, Kanai A, Ikeda D, Kaji D, Sawa A, Matsuoka R, Asayama K, Tabata R, Ishii R, Fujisawa M, Makishima K, Suma S, Suehara Y, Hattori K, Sakamoto T, Nishikii H, Yoshida C, Bando H, Suzuki A, Ota Y, Otsuka Y, Matsubara D, Matsue K, Chiba S, Steidl C, Suzuki Y, [Sakata-Yanagimoto M*](#). "Distinct follicular T cell subsets regulate lymphoma progression and outcomes." *Cancer Cell*. 43(10):1850-1865, 2025.
2. Suehara Y, Sakamoto K, Fujisawa M, Fukumoto K, Abe Y, Makishima K, Suma S, Sakamoto T, Hattori K, Sugio T, Kato K, Akashi K, Matsue K, Narita K, Takeuchi K, Carreras J, Nakamura N, Chiba K, Shiraishi Y, Miyano S, Ogawa S, Chiba S, [Sakata-Yanagimoto M*](#). "Discrete genetic subtypes and tumor microenvironment signatures correlate with peripheral T-cell lymphoma outcomes." *Leukemia*. 39(5):1184-1195, 2025.
3. Suma S, Suehara Y, Fujisawa M, Abe Y, Hattori K, Makishima K, Sakamoto T, Sawa A, Bando H, Kaji D, Sugio T, Kato K, Akashi K, Matsue K, Carreras J, Nakamura N, Suzuki A, Suzuki Y, Ito K, Shiiba H, Chiba S, [Sakata-Yanagimoto M*](#). "Tumor heterogeneity and immune-evasive T follicular cell lymphoma phenotypes at single-cell resolution." *Leukemia*. 38(2):340-350, 2024.
4. Fujisawa M, Nguyen TB, Abe Y, Suehara Y, Fukumoto K, Suma S, Makishima K, Kaneko C, Nguyen YTM, Usuki K, Narita K, Matsue K, Nakamura N, Ishikawa S, Miura F, Ito T, Suzuki A, Suzuki Y, Mizuno S, Takahashi S, Chiba S, [Sakata-Yanagimoto M*](#). "Clonal germinal center B cells function as a niche for T-cell lymphoma." *Blood*. 140(18):1937-1950, 2022.
5. Abe Y, [Sakata-Yanagimoto M*](#), Fujisawa M, Miyoshi H, Suehara Y, Hattori K, Kusakabe M, Sakamoto T, Nishikii H, Nguyen TB, Owada Y, Enomoto T, Sawa A, Bando H, Yoshida C, Tabata R, Terao T, Nakayama M, Ohshima K, Usuki K, Oda T, Matsue K, Chiba S. "A single-cell atlas of non-haematopoietic cells in human lymph nodes and lymphoma reveals a landscape of stromal remodelling." *Nature Cell Biology*. 24(4):565-578, 2022.

コホート・生体試料支援プラットフォーム
 コホート臨床検体を対象とした
 統合オミクス解析とエピゲノム創薬



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
山岸 誠



難治性疾患の本態解明と新規治療法の開発には、実際の病態を反映した臨床検体を用いた研究が不可欠である。とくに慢性ウイルス感染症や造血器腫瘍では、長期にわたる病態形成の過程を患者や感染者由来検体から直接読み解くことが、発症機序の理解、リスク評価、治療標的の同定に直結する。本シンポジウムでは、CoBiAの支援のもと進めてきたHTLV-1感染者検体の解析を基盤として、基礎研究から社会実装へと展開してきた私たちの研究成果を紹介する。

HTLV-1感染者検体を対象に、ゲノム、エピゲノム、トランスクリプトームなどを統合したオミクス解析を進めることで、成人T細胞白血病リンパ腫（ATL）に至る多段階発がん機構が明らかとなってきた。無症候性キャリアの段階から感染細胞には体細胞ゲノム異常が蓄積し、その一部はクローン増殖や将来の発症リスクと密接に関連している。さらに、ウイルス感染と宿主側の分子異常が長期に相互作用しながら、前がん状態から発症へ至る進展過程を形成することを示してきた。

こうした臨床検体の解析は、創薬標的の同定にもつながった。ATLを含むT細胞リンパ腫では、エピゲノム制御異常が腫瘍細胞の増殖と表現型維持に不可欠であることを見出し、PRC2関連分子を標的とする治療戦略の有効性を示した。その成果を基盤として、産学官連携によってファーストインクラスのEZH1/2二重阻害剤の開発へと発展し、難治性T細胞リンパ腫に対する新たな治療薬の創製に結び付いた。コホート研究との連携、臨床検体の精密な分析による標的因子の探索と実験的証明、革新的な研究開発技術の導入、ならびに臨床研究との連携を通じて得られた知見を、開発の節目に沿って概説する。研究成果を社会実装につなげるうえでの論点を共有し、ヒト検体研究に根ざした次世代医薬品開発への示唆としたい。

■ 山岸 誠

職歴

- 2009年 エイズ予防財団リサーチレジデント
- 2011年 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 特任研究員
- 2015年 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 特任助教
- 2018年 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 特任講師
- 2022年 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 特任准教授
- 2023年 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 准教授

参考文献

1. Yamagishi M et al. Polycomb-Mediated Loss of miR-31 Activates NIK-dependent NF-kB Pathway in Adult T-cell Leukemia and Other Cancers. *Cancer Cell* 21, 121-135, 2012.
2. Fujikawa D, Yamagishi M* et al. Polycomb-dependent epigenetic landscape in adult T-cell leukemia. *Blood* 127, 1790-1802, 2016.
3. Yamagishi M* et al. Targeting Excessive EZH1 and EZH2 Activities for Abnormal Histone Methylation and Transcription Network in Malignant Lymphomas. *Cell Rep* 29, 2321-2337.e7, 2019.
4. Yamagishi M et al. Chronological genome and single-cell transcriptome integration characterizes the evolutionary process of adult T cell leukemia-lymphoma. *Nat Commun* 12, 4821, 2021.
5. Yamagishi M* et al. Mechanisms of action and resistance in histone methylation-targeted therapy. *Nature* 627, 221-228, 2024.
6. Suzuki K, Yamagishi M* et al. Bidirectional anti-tumor and immunological strategies by targeting GARP-TGF- β axis in adult T-cell leukemia/lymphoma. *Leukemia* 39, 2465-2476, 2025
7. Nakashima M, Yamagishi M* et al. Chromatin remodeling enhances MAP3K8 expression in HAM: a key pathogenesis for therapeutic intervention. *Nat Commun* 16, 9874, 2025.

先端バイオイメージング支援プラットフォーム

条件付き敵対的生成ネットワークで生成した触覚情報と視覚情報の統合による触感再現システム



慶應義塾大学
理工学部

竹村 研治郎

慶應義塾大学
理工学部

舟橋 啓

近年、様々な分野でリアリティの高い触感を再現する技術が求められている。ヒトの触感知覚は視覚の影響を受けることが報告されているため、触覚と視覚の感覚統合を利用した触感呈示を行うことで触感再現度が向上する可能性がある。このため、本研究では触覚情報と視覚情報の統合による触感再現システムの開発を目的とした。

本研究では、触覚情報と視覚情報の生成手法としてGenerative Adversarial Networks(GAN)を用いた。触覚情報の生成は先行研究で構築されたモデルを用い、本研究では視覚情報を生成するモデルを構築した。まず、触感再現の対象となる12種類の金属板サンプルに対して32人による官能評価実験を行い、触覚情報を収集した。次に、320枚の画像を用意し、画像を見た際に想起される触感について画像1枚当たり30人による官能評価実験を行い、触覚情報を収集した。以上の触覚情報や画像をデータセットとし、画像の要素をそれぞれ1倍、1000倍、5000倍、10000倍に重み付けして学習を行うことで4種類の視覚情報生成モデルを構築した。4種類の視覚情報生成モデルを用いて、12種類の金属板サンプルに対応する画像をモデルごとに12枚生成した。先行研究で構築された触覚情報生成モデルによる触覚ディスプレイへの入力信号および本研究で構築した視覚情報生成モデルによる画像を用いて触感再現実験を行った。20人の被験者に対し、画像をタブレット端末で視覚的に呈示しながら、触覚ディスプレイで触感を呈示する官能評価実験を行い、触覚情報を収集した。収集した触覚情報と触感再現の対象である金属板サンプルの触覚情報との平均絶対誤差を算出し、触感再現の評価を行った。その結果、触覚情報と視覚情報の統合による触感呈示を行うことで、金属板サンプルの触感との誤差が有意に減少することが確認され、触感再現度が向上することが明らかになった。特に、画像の要素を5000倍に重み付けして学習を行った視覚情報生成モデルを用いた際に金属板サンプルの触感との誤差が最も小さくなった。以上より、本研究で構築した視覚情報生成モデルの有効性および触覚情報と視覚情報の統合による触感再現システムの有効性が示唆された。

職歴

■ 竹村 研治郎

- 2001年 日本学術振興会特別研究員(DC2)
- 2002年 慶應義塾大学 理工学部 機械工学科 助手(有期)
- 2003年 東京工業大学 精密工学研究所 助手
- 2007年 東京工業大学 精密工学研究所 助教(職名変更)
- 2008年 慶應義塾大学 理工学部 機械工学科 専任講師
- 2012年 慶應義塾大学 理工学部 機械工学科 准教授
- 2019年 慶應義塾大学 理工学部 機械工学科 教授

■ 舟橋 啓

- 1997年 日本学術振興会特別研究員(DC1)
- 2000年 三重大学 工学部 情報工学科 助手
- 2002年 科学技術振興機構ERATO北野共生システムプロジェクト 研究員
- 2007年 慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科 専任講師(有期)
- 2009年 慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科 准教授
- 2022年 慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科 教授

参考文献

1. Koki Hatori, Takashi Morikura, Akira Funahashi, Kenjiro Takemura, A Cross-Modal Tactile Reproduction Utilizing Tactile and Visual Information Generated by Conditional Generative Adversarial Networks, IEEE Access, 13, 9223-9229, 2025.
2. Koki Hatori, Kenjiro Takemura, Conditional Generative Adversarial Network-Based Tactile Stimulus Generation for Ultrasonic Tactile Display, IEEE Access, 11, 53531-53537, 2023.

先端モデル動物支援プラットフォーム

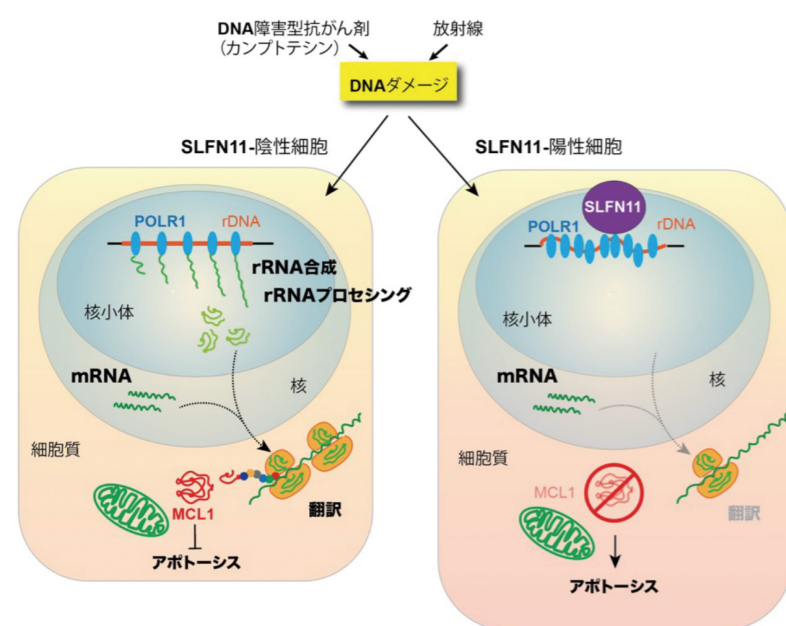
DNA損傷とp53非依存的アポトーシスを
つなぐリボソーム生合成障害



愛媛大学先端研究院プロテオサイエンスセンター
大学院医学系研究科生化学・分子遺伝学

村井 純子

がん化学療法は50年以上にわたり使用されていますが、その効果には個人差があり、副作用もしばしば深刻です。したがって、治療開始前に「誰に効くか」を見極めることが望まれます。しかし、多くの化学療法剤では効果を予測するバイオマーカーが確立されていません。2012年頃から、SLFN11 (Schlafen 11) の発現量がDNA障害型抗がん剤の感受性 (効きやすさ) を予測する有力な候補として注目されています。これまで卵巣がん、肺がん、乳がんをはじめとする多数のがん種で、SLFN11高発現の腫瘍は化学療法に良好に反応することが報告されています。SLFN11は遺伝子変異による失活の報告はほとんどなく、その発現量こそが薬剤感受性を規定する重要な要因です。ただし、発現制御機構や具体的な作用



メカニズムには未解明の部分が残されています。本研究では、SLFN11がリボソームRNA転写を抑制し、リボソーム生合成障害を介して翻訳停止、アポトーシスを起こし、DNA障害型抗がん剤の効果を高める新たなメカニズムを明らかにしました。また、AdAMS分子プロファイリング支援により、約7割のがん細胞株で、このメカニズムによると解釈できる細胞死が起きることが明らかとなりました。

■ 村井 純子

職歴

- 2000年 大阪大学 医学部 医学科卒業 整形外科医として勤務
- 2008年 大阪大学 大学院医学研究科 博士(医学)取得
- 2009年 ダナファーマー癌研究所(米国、Alan D' Andrea研究室) 研究員
- 2010年 アメリカ国立衛生研究所(Yves Pommier研究室) 研究員
- 2012年 京都大学 大学院医学研究科 放射線遺伝学 助教ほか
- 2015年 アメリカ国立衛生研究所(Yves Pommier研究室) 研究員
- 2018年 慶應義塾大学先端生命科学研究所 特任准教授
- 2022年 愛媛大学プロテオサイエンスセンター 准教授
- 2025年 愛媛大学プロテオサイエンスセンター 教授

参考文献

1. Ogawa O, Izumikawa K, Tate S, Isoyama S, Mori M, Fujiwara K, Watanabe S, Ohga T, Jo U, Taniyama D, Kitajima S, Tanaka S, Onji H, Kageyama S, Yamamoto G, Saito H, Morita T, Okada M, Natsumeda M, Nagahama M, Kobayashi J, Ohashi A, Sasanuma H, Higashiyama S, Dan S, Pommier Y, Murai J. SLFN11-mediated ribosome biogenesis impairment induces TP53-independent apoptosis. *Molecular Cell* 2025; DOI: 10.1016/j.molcel.2025.01.008.
2. Onji H, Tate S, Sakaue T, Fujiwara K, Nakano S, Kawaida M, Onishi N, Matsumoto T, Yamagami W, Sugiyama T, Higashiyama S, Pommier Y, Kobayashi Y, Murai J. Schlafen 11 further sensitizes BRCA-deficient cells to PARP inhibitors through single-strand DNA gap accumulation behind replication forks. *Oncogene* 2024;43.32 2475-2489.
3. Fujiwara K, Maekawa M, Iimori Y, Ogawa A, Urano T, Kono N, Takeda H, Higashiyama S, Arita M, Murai J. The crucial role of single-stranded DNA binding in enhancing sensitivity to DNA-damaging agents for Schlafen 11 and Schlafen 13. *iScience* 2023;26:108529.
4. Murai J, Tang SW, Leo E, Baechler SA, Redon CE, Zhang H, Al Abo M, Rajapakse VN, Nakamura E, Jenkins LMM, Aladjem MI, Pommier Y. SLFN11 Blocks Stressed Replication Forks Independently of ATR. *Mol Cell* 2018;69:371-84 e6.

今後の予定

日本多施設共同コーホート研究(J-MICC Study)(2026年度)第1回 全体会議 一部一般公開

開催日：2026年6月2日(火)
形式：オンライン開催
主催：日本多施設共同コーホート研究(J-MICC Study)
共催：コーホート・生体試料支援プラットフォーム

第37回細胞生物学ワークショップ - 蛍光顕微鏡トレーニングコース -

開催日：2026年8月3日(月)～7日(金)
場所：現地(大阪大学大学院生命機能研究科)／ハイブリッド開催
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム／大阪大学

基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習(OPT九州2026伊都)

開催日：2026年8月25日(火)～26日(水)
場所：現地(九州大学伊都キャンパス)／オンデマンド+実習2日間
主催：九州大学大学院 農学研究院 研究教育支援センター／先端バイオイメージング支援プラットフォーム
共催：基礎生物学研究所・超階層生物学センター／生命創成探究センター

R8年度AdAMS若手支援技術講習会

開催日：2026年9月1日(火)～3日(木)
場所：蓼科グランドホテル滝の湯
主催：先端モデル動物支援プラットフォーム

第32回ABiS電子顕微鏡トレーニング【クライオ走査電子顕微鏡法】

開催日：2026年9月頃
場所：兵庫県立大学播磨理学キャンパス
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム／日本顕微鏡学会／兵庫県立大学

基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習(OPT関東2026宇都宮)

開催日：2026年9月下旬頃
場所：現地(宇都宮大学陽東キャンパス)／オンデマンド+実習2日間
主催：宇都宮大学／先端バイオイメージング支援プラットフォーム
共催：基礎生物学研究所・超階層生物学センター／生命創成探究センター

第11回ゲノムコホート研究における遺伝統計学

開催日：2026年10月頃
場所：宮城県現地開催・事後配信
主催：コーホート・生体試料支援プラットフォーム
共催：東北大学東北メディカル・メガバンク機構／開催地市町村自治体(予定)
URL：https://cohort.umin.jp/

2026年度「先進ゲノム支援」情報解析講習会(初級)

開催日：2026年10月頃開催予定(確定次第ウェブサイトで公開いたします)
形式：オンライン／現地(国立遺伝学研究所)ハイブリッド開催(予定)
主催：先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム／生命情報・DDBJセンター
URL：https://www.genome-sci.jp/

基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習(OPT北海道2026 Autumn 札幌)

開催日：2026年10月中旬頃
場所：現地(北海道大学農学部)／オンデマンド+実習2日間
主催：北海道大学電子科学研究所 北海道大学二コイイメージングセンター／先端バイオイメージング支援プラットフォーム
共催：基礎生物学研究所・超階層生物学センター／生命創成探究センター

第33回ABiS電子顕微鏡トレーニング【凍結超薄切片作製法:徳安法／CEMOVIS】

開催日：2026年11月頃
場所：兵庫県立大学播磨理学キャンパス
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム／日本顕微鏡学会／兵庫県立大学

高齢者ブレインバンク・バイオバンクジャパン合同都民公開講座

開催日：2026年11月7日(土)
場所：現地(東京都健康長寿医療センター)／ハイブリッド開催
主催：東京都健康長寿医療センター高齢者ブレインバンク
共催：コーホート・生体試料支援プラットフォーム

生物画像データ解析トレーニングコース(BIATC2026)

開催日：2026年12月8日(火)～10日(木)
場所：基礎生物学研究所
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム／基礎生物学研究所／生命創成探究センター

基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習(OPT2026岡崎)

開催日：基礎編:2026年12月14日(月)～16日(水)
中級編:2026年12月17日(木)～18日(金)
場所：基礎生物学研究所
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム
共催：基礎生物学研究所・超階層生物学センター／生命創成探究センター

2026年度ABiS脳画像解析チュートリアル

開催日：2026年12月19日(土)
2027年1月23日(土)
2027年2月13日(土)
形式：オンライン開催
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム

第17回植物電子顕微鏡ワークショップ

開催日：2026年12月頃
場所：理化学研究所横浜キャンパス
主催：理化学研究所 環境資源科学研究センター(CSRS)
共催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム

2026年度「先進ゲノム支援」情報解析講習会(中級)

開催日：2026年12月頃開催予定(確定次第ウェブサイトで公開いたします)
形式：オンライン開催(予定)
主催：先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム／生命情報・DDBJセンター
URL：https://www.genome-sci.jp/

11th ABiS Advanced Light Microscopy Course at OIST

開催日：2026年12月-2027年1月頃
場所：沖縄科学技術大学院大学
主催：沖縄科学技術大学院大学イメージングコアファシリティ／先端バイオイメージング支援プラットフォーム

第34回ABiS電子顕微鏡トレーニング【三次元電子顕微鏡法:SEM Array Stacking／TEM Tomography】

開催日：2027年1月頃
場所：兵庫県立大学播磨理学キャンパス
主催：先端バイオイメージング支援プラットフォーム／日本顕微鏡学会／兵庫県立大学

R8年度AdAMS成果発表会

開催日：2027年2月18日(木)～19日(金)
場所：琵琶湖ホテル
主催：先端モデル動物支援プラットフォーム
共催：生命科学連携推進協議会

2026年度 若手支援研究成果発表会

開催日：確定次第ご案内
場所：確定次第ご案内
主催：コーホート・生体試料支援プラットフォーム

R8年度第5回リアルワールドデータ研究のための統計学セミナー

開催日：2027年2～3月頃
形式：オンライン開催
主催：久留米大学バイオ統計センター
共催：コーホート・生体試料支援プラットフォーム
URL：https://cohort.umin.jp/

基礎から学ぶ顕微鏡光学系実習(OPT関西2026兵庫)

開催日：2027年3月上旬
場所：兵庫医科大学
主催：兵庫医科大学 共同利用研究施設／先端バイオイメージング支援プラットフォーム
共催：基礎生物学研究所・超階層生物学センター／生命創成探究センター

ABiS Tailored Training Program(沖縄科学技術大学院大学での個別トレーニングプログラム)

開催日：個別相談
場所：沖縄科学技術大学院大学
主催：沖縄科学技術大学院大学イメージングコアファシリティ／先端バイオイメージング支援プラットフォーム

公募の予定

AdAMS

先端モデル動物支援プラットフォーム

各支援活動で申請を受け付けています。

モデル動物作製支援	第1回:4/1(水)~6/19(金) 第2回:7/1(水)~9/30(水)
病理形態解析支援	第1回:4/1(水)~6/1(月) 第2回:6/2(火)~8/31(月) 第3回:9/1(火)~11/30(月)
生理機能解析支援	第1回:4/27(月)~6/8(月) 第2回:6/9(火)~8/3(月) 第3回:8/4(火)~11/9(月)
分子プロファイリング支援	第1回:4/6(月)~5/7(木) 第2回:6/22(月)~7/21(火) 第3回:8/12(水)~9/7(月)* 第4回:11/10(火)~12/7(月) ※「小分子RNA標的遺伝子」、「バーコードshRNAシークエンス技術」、「化合物標的タンパク質解析」、「網羅的タンパク質相互作用解析」については、第2回公募(7月8日)のみとするが、支援予定数に余裕がある場合に限り、第3回公募(9月8日)も実施する。

公募要項等の詳細はホームページで公開しています。

URL: <https://plaza.umin.ac.jp/model/>

ABIS

先端バイオイメージング支援プラットフォーム

前期公募: 2026年6月15日(月)~8月2日(日)
後期公募: 2026年10月1日(木)~11月20日(金)
●公募期間外も随時申請として受付可能

詳細・申込方法は下記ページをご覧ください。

URL: <https://www.nibb.ac.jp/abis/>

PAGS

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム

公募期間: 2026年4月14日(火)~5月12日(火)正午
対象: 2026年度科研費課題(新規・継続)

公募要項、申請書様式等詳細はホームページで公開しています。

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

CoBIA

コホート・生体試料支援プラットフォーム

随時申請を受け付けています。

コホートによるバイオリソース支援*
ブレインリソースの整備と活用支援
生体試料による支援
バイオメディカルデータ解析支援

*毎月末締め切り

URL: <https://square.umin.ac.jp/cohort/>

書籍のご案内

AdAMS

先端モデル動物支援プラットフォーム

マウス・ラット モデル作製・解析プロフェッショナル あなたの研究をステップアップさせる最新・最適手技

ゲノム編集でマウス・ラット研究の重要性が高まる中、課題を突破する実験書。モデル動物の作出、病理解析、行動解析、スクリーニングの達人により、あなたも研究支援を受けるように技術を導入できるノウハウが満載。

編集: 先端モデル動物支援プラットフォーム(AdAMS)
価格: 定価 6,160円(本体5,600円+税10%)
発行: 2021年3月18日
判型: B5判
頁数: 320ページ
ISBN: 978-4-7581-2112-5

羊土社ウェブサイト 本書籍紹介ページはこちら

URL: <https://www.yodosha.co.jp/jikkenigaku/book/9784758121125/index.html>



PAGS

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム

実験医学別冊

改訂 独習Pythonバイオ情報解析

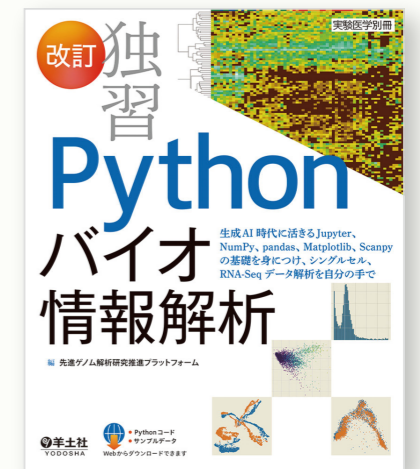
生成AI時代に生きるJupyter、NumPy、pandas、Matplotlib、Scanpyの基礎を身につけ、シングルセル、RNA-Seqデータ解析を自分の手で

大規模データの取り扱いや図による可視化など汎用的なPythonの使い方から、シングルセル、RNA-seq解析までバイオインフォマティクスの基礎が身につきます。サンプルデータとコード見本付きで、今日から実践しながら学べます。今回の改訂では、生成AIの活用方法やScanpyの詳細な解説を加筆し、各種ライブラリのアップデートに対応しました。

先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム/編
2025年01月24日発行 AB判 446ページ 付録: ダウンロードデータ
ISBN 978-4-7581-2278-8
定価: 7,150円(税込)

詳細はこちらから(羊土社)

URL: <https://www.genome-sci.jp/whatsnew/news/news20250127.html>
<https://www.yodosha.co.jp/jikkenigaku/book/9784758122788/index.html>



生命科学連携推進協議会 | 構成員

【総括班】

	氏名	所属	所属プラットフォーム
研究支援代表者 研究支援業務実施責任者	武川 睦寛	東京大学 医科学研究所	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援分担者	黒川 顕	国立遺伝学研究所 情報研究系	先進ゲノム解析研究 推進プラットフォーム
研究支援分担者	伊佐 正	生理学研究所 所長	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム
研究支援分担者	醍醐 弥太郎	東京大学 医科学研究所	コホート・生体試料 支援プラットフォーム
研究支援分担者	岩間 厚志	東京大学 医科学研究所	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援協力者	近藤 滋	国立遺伝学研究所 所長	先進ゲノム解析研究 推進プラットフォーム
研究支援分担者	三浦 正幸	基礎生物学研究所 所長	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム
研究支援分担者	井上 純一郎	東京大学 新世代感染症センター	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援分担者	中村 卓郎	東京医科大学 医学総合研究所	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援分担者	高田 昌彦	大阪大学 大学院医学系研究科	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援分担者	清宮 啓之	公益財団法人がん研究会 がん化学療法センター	先端モデル動物 支援プラットフォーム
研究支援協力者	伊藤 武彦	東京科学大学 生命理工学院	先進ゲノム解析研究 推進プラットフォーム
研究支援協力者	小原 雄治	国立遺伝学研究所 先端ゲノミクス推進部門	先進ゲノム解析研究 推進プラットフォーム
研究支援分担者	根本 知己	生理学研究所 バイオフィotonクス研究部門	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム

研究支援分担者	藤森 俊彦	基礎生物学研究所 初期発生研究部門	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム
研究支援協力者	丸山 めぐみ	生理学研究所 研究力強化戦略室	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム
研究支援協力者	真野 昌二	基礎生物学研究所 研究力強化戦略室	先端バイオイメーjing 支援プラットフォーム
研究支援分担者	村上 善則	日本医科大学 先端医学研究所	コホート・生体試料 支援プラットフォーム
研究支援分担者	若井 建志	名古屋大学 医学系研究科	コホート・生体試料 支援プラットフォーム
研究支援分担者	齊藤 祐子	東京都健康長寿医療センター 東京都健康長寿医療センター研究所	コホート・生体試料 支援プラットフォーム
研究支援協力者	加藤 和人	大阪大学 ヒューマン・メタバース疾患研究拠点	コホート・生体試料 支援プラットフォーム

【社会との接点活動班】

	氏名	所属	所属プラットフォーム
研究支援分担者	加藤 和人	大阪大学 ヒューマン・メタバース疾患研究拠点	コホート・生体試料 支援プラットフォーム
研究支援分担者	古結 敦士	京都大学 医学研究科	
研究支援分担者	磯野 萌子	大阪大学 大学院医学系研究科	

申請申込みは各プラットフォームのウェブサイトです。

- ◆ 対象は文部科学省および日本学術振興会の科学研究費助成事業(学術研究助成基金助成金/科学研究費補助金)に採択されている研究です。
- ◆ 各プラットフォームで申し込み時期等が異なりますのでご注意ください。
- ◆ 複数のプラットフォームへの申し込みも可能です。
- ◆ 共同研究になる場合もあります。
- ◆ 成果発表でのAcknowledgment(謝辞)では、本支援事業の課題番号を記載してください。



コホート・生体試料 支援プラットフォーム

Platform of Supporting Cohort Study and
Biospecimen Analysis



<https://square.umin.ac.jp/cohort/>



先端バイオイメージング 支援プラットフォーム

Advanced Bioimaging Support



<https://www.nibb.ac.jp/abis/>



先進ゲノム解析研究 支援プラットフォーム

Platform for Advanced Genome Science



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



先端モデル動物 支援プラットフォーム

Advanced Animal Model Support



<https://plaza.umin.ac.jp/model/>



PICLS

文部科学省 学術変革領域研究 学術研究支援基盤形成

生命科学連携推進協議会

<https://square.umin.ac.jp/platform/>

