

第85回日本癌学会学術総会 ランチョンセミナーLS11

2026年9月24日(木) 11:50-12:40

第16会場 (国立京都国際会館 5F Room510)

テーマ：ロングリードシーケンシングが拓くがんゲノム研究の新たな知見

演題2：高精度ロングリードシーケンスを用いた腫瘍統合解析

演者：田中 庸介 先生

国立がん研究センター研究所 がん創薬研究ユニット

座長：白石 友一 先生

国立がん研究センター研究所 ゲノム解析基盤開発分野



Dr. Yosuke Tanaka

要旨：

膵癌やスキルス胃癌などの難治性悪性腫瘍では、豊富な間質成分のため腫瘍細胞含有率が低く、腫瘍細胞そのものを対象とした包括的なオミクス解析には限界があった。この課題を克服するため、我々は膵癌およびスキルス胃癌患者の悪性腹水から樹立した100株の独自がん細胞株リソースを構築した。これらのモデルは、原疾患の主要な生物学的特徴を保持しながら、腫瘍細胞を高純度に解析することを可能とする。本研究では、PacBio Revioプラットフォームを用いた高感度かつ多面的なプロファイリングにより、ゲノム変異、構造異常、全長mRNAスプライシング、DNAメチル化、クロマチンアクセシビリティを統合的に解析した。ロングリードシーケンスの特性を生かすことで、従来のショートリード解析では捉えることが困難であった複雑なゲノム・トランスクリプトーム異常を明らかにするとともに、ゲノム構造、転写・スプライシング、エピゲノムの各階層が相互に関連しながら形成する分子異常を捉えることが可能となった。

本講演では、ロングリードシーケンスによる多層オミクス解析が難治性悪性腫瘍の分子病態にどのような新たな視点をもたらすのかを紹介したい。

【参加方法】

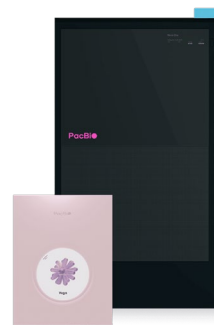
事前申し込みの方：事前申込チケットをご提示ください。(当日の整理券の配布は行っておりません)

※セミナー開始10分後に事前申込チケットは無効となります。

開始10分後に空席がある場合は、チケットをお持ちでない方もご入場いただけます。

【展示会場】 ニューホール ブース#N-36 にて

システム、アプリケーションをご案内中



PacBio ロングリードシーケンサー：Vega / Revio System

共催：第85回日本癌学会学術総会 / トミーデジタルバイオロジー株式会社

第85回日本癌学会学術総会 ランチョンセミナーLS21

2026年9月25日(金) 12:15-13:05

第12会場 (国立京都国際会館 2F RoomJ) (発表言語・英語)

Expanding the Transcriptomic Landscape: Insights from RNA Modification Profiling in Cancer

転写産物の世界の拡張：がんにおける RNA 修飾プロファイリングからの洞察

Speaker : **Gudrun Stengel**
Alida Biosciences, Inc. CEO



Abstract :

RNA modifications, collectively termed the epitranscriptome, represent a tissue and cell type dependent layer of gene regulation with broad implications in cancer biology. N6-methyladenosine (m6A) and adenosine-to-inosine (A-to-I) editing are among the most prevalent messenger RNA modifications and have each been implicated in oncogene stabilization, tumor immune evasion, therapy resistance, and disease stratification. Despite growing evidence for their clinical relevance, transcriptome-wide profiling of RNA modifications in patient samples has remained technically challenging.

In this seminar, we will first introduce how RNA modifications contribute to cancer biology and tumor progression before presenting data generated with Alida Biosciences' EpiPlex platform. EpiPlex simultaneously profiles m6A, inosine, and gene expression from low-input clinical samples, including blood, tissue, and FFPE specimens. We will present data highlighting epitranscriptomic differences across immune cell populations and demonstrate how immune-cell-associated RNA modification signatures may be leveraged to detect disease states in blood samples. Finally, we will share results from our collaboration with Storm Therapeutics, focused on profiling the effects of small-molecule inhibitors targeting RNA-modifying enzymes in solid tumors.

【参加方法】

事前申し込みの方：事前申込チケットをご提示ください。(当日の整理券の配布は行っておりません)

※セミナー開始10分後に事前申込チケットは無効となります。

開始10分後に空席がある場合は、チケットをお持ちでない方もご入場いただけます。



【展示会場】 ニューホール ブース#N-36 にてご案内中

共催： 第85回日本癌学会学術総会 / トミーデジタルバイオロジー株式会社