



# 単一細胞トランスクリプトーム解析法

栗本 一基

Kazuki Kurimoto

発生・再生医学／教授

■キーワード 1細胞、トランスクリプトーム、次世代シーケンサー、  
開発フェーズ(基礎研究)、モダリティ(遺伝子発現解析)

## シーズ概要

I. 単一細胞の全遺伝子発現を、次世代シーケンサーで解析可能にする技術

細胞は、たとえ同一の細胞種であっても決して均一な性質を持つわけではないので、生体内に実際に存在する細胞の性質を詳細に知るためには、細胞一つずつの遺伝子発現等を定量的に計測しなければならない。我々はこれまでの研究で、単一の細胞から全遺伝子の発現を、定量的かつ網羅的に解析する技術を独自に開発した。この手法を用いれば、組織から採取した一つ一つの細胞の全遺伝子発現を次世代シーケンサーにて定量的に解析することが可能になる。

<他の既存技術との違い>

現在、多くの単一細胞遺伝子発現解析技術が存在している。それらとの比較における、我々の手法の特性は、(1) 個別の細胞に対する精度の高い解析、(2) 10X Genomics 社 Chromium のような高価なシステムの導入が不要なので高精度かつ相対的に低価格、(3) そのトレードオフとして、個別の細胞を顕微鏡下で採取するためスループットが相対的に低いこと、である。

II. 組織切片中の単一細胞の全遺伝子発現を、次世代シーケンサーで解析可能にする技術

さらに、現在、凍結組織切片を観察後に、レーザーマイクロダイセクションシステムを用いて単離した単一細胞に対しても、生きたまま単離した細胞と同等の定量性をもって遺伝子発現解析する手法を開発中である。

<他の既存技術との違い>

組織切片における遺伝子発現解析手法も、最近、国内外で開発されてきている。それらとの比較における、我々が開発中の手法の特性は (1) 高い定量性、(2) 無傷の組織切片の形態観察が可能、(3) mRNA の 3' 側の検出と mRNA のアイソフォーム解析の両立が可能。

## 研究成果の応用可能性

病態組織など微量試料のバイオマーカー探索

## Appeal Point

アピールポイント

微量試料からの遺伝子発現解析が可能です。

## 関連文献／特許

1. Kurimoto K, Yabuta Y, Ohinata Y, Ono Y, Uno KD, Yamada RG, et al. An improved single-cell cDNA amplification method for efficient high-density oligonucleotide microarray analysis. *Nucleic Acids Res.* 2006;34(5):e42.
2. Kurimoto K, Yabuta Y, Ohinata Y, Saitou M. Global single-cell cDNA amplification to provide a template for representative high-density oligonucleotide microarray analysis. *Nat Protoc.* 2007;2(3):739-52.
3. Kawaguchi A, Ikawa T, Kasukawa T, Ueda HR, Kurimoto K, Saitou M, et al. Single-cell gene profiling defines differential progenitor subclasses in mammalian neurogenesis. *Development.* 2008;135(18):3113-24.
4. Kurimoto K, Yabuta Y, Ohinata Y, Shigeta M, Yamanaka K, Saitou M. Complex genome-wide transcription dynamics orchestrated by Blimp1 for the specification of the germ cell lineage in mice. *Genes Dev.* 2008;22(12):1617-35.

1. (JP5526326) 核酸配列増幅方法
2. 特願 2021-200053