



## 組織切片からの高品質な 単一細胞トランスクリプトーム解析

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、空間トランスクリプトーム、レーザーマイクロダイセクション
- **対象疾患** 卵巣疾患、筋炎など
- **研究フェーズ** 基礎研究
- **モダリティ** 遺伝子発現解析

### シリーズ概要

固定された組織切片から採取された細胞(片)を効率よく溶解し、直接RNAシーケンシング(RNA-seq)に適用します。この手法では組織切片を強い界面活性剤で効率よく細胞を溶解した後、弱い界面活性剤を大量に加えて変性効果を弱めます。この手順で、高い変性作用による細胞溶解と、RNA-seqの酵素反応をシームレスに接続します。ホルマリンによって強固に固定された組織切片も効率よく溶解することができるようになりました。この手法をDRaQL(direct RNA recovery and quenching for LCM)と命名し、広く用いられるSmart-seq2などにシームレスに接続することができます。(既存の空間トランスクリプトーム解析技術との違い)

- ・高感度：通常の空間トランスクリプトーム解析手法の50倍～100倍の感度。
- ・低コスト：切片全体を溶解する通常的手法と異なり、見るべき細胞を狙い撃ちにできる。
- ・mRNAの全長の解析が可能：通常的手法は3'側に限局するがDRaQLでは全長の長量解析が可能。スプライスアイソフォームも解析可能。

### 研究成果の応用可能性

病態組織などのプロファイリング、バイオマーカー探索

### Appeal Point

アピールポイント

組織切片の中に存在する  
1細胞レベルの微量試料からの  
遺伝子発現解析が可能  
です。

### 関連文献／特許

1. High-quality single-cell transcriptomics from ovarian histological sections during folliculogenesis Hiroki Ikeda, Shintaro Miyao, So Nagaoka, Tomoya Takashima, Sze-Ming Law, Takuya Yamamoto, Kazuki Kurimoto Life Science Alliance, 2023 18 Sept; vol. 6 no. 11 e202301929 DOI:10.26508/lsa.202301929, PubMed 37722727