

# 1細胞および微小組織片の遺伝子発現解析

## [技術の概要]

### 支援メニュー

#### • 1細胞遺伝子発現解析

1細胞からのRNA-seqライブラリ作製を支援。必要に応じデータ解析(各遺伝子の相対発現量、変動係数、細胞間の遺伝子発現相関、変動遺伝子の抽出、細胞のグルーピング)も支援する。

#### • 微小組織片の分取と遺伝子発現解析

組織切片等から部位選択的に微小領域(直径100 $\mu$ m)を回収する。そこからRNAを抽出し、上記の解析を支援する。

### 支援に供する設備

- 96試料自動調製ロボット
- 微小組織片自動採集装置
- 1細胞からのRNA-seqライブラリ作製にはBead-seq法<sup>\*</sup>を利用

<sup>\*</sup>Kambara et al. (2015) *Anal. Biochem.*

## [技術の利用例]

- 細胞間、組織間、組織内部位間の遺伝子発現の比較(Heterogeneityの解析)
- 従来法では解析困難な希少細胞の遺伝子発現解析
- 各種マーカー遺伝子の探索

浮遊細胞、接着細胞、組織片など形態を問わず幅広い試料に対応

(これまでの実績: 各種がん細胞、免疫細胞、幹細胞(iPS、造血幹細胞)、ゼブラフィッシュ脳、ホヤ初期胚、分裂酵母など)

### 連絡先

[所属] 早稲田大学

[名前] 神原秀記、竹山春子、細川正人

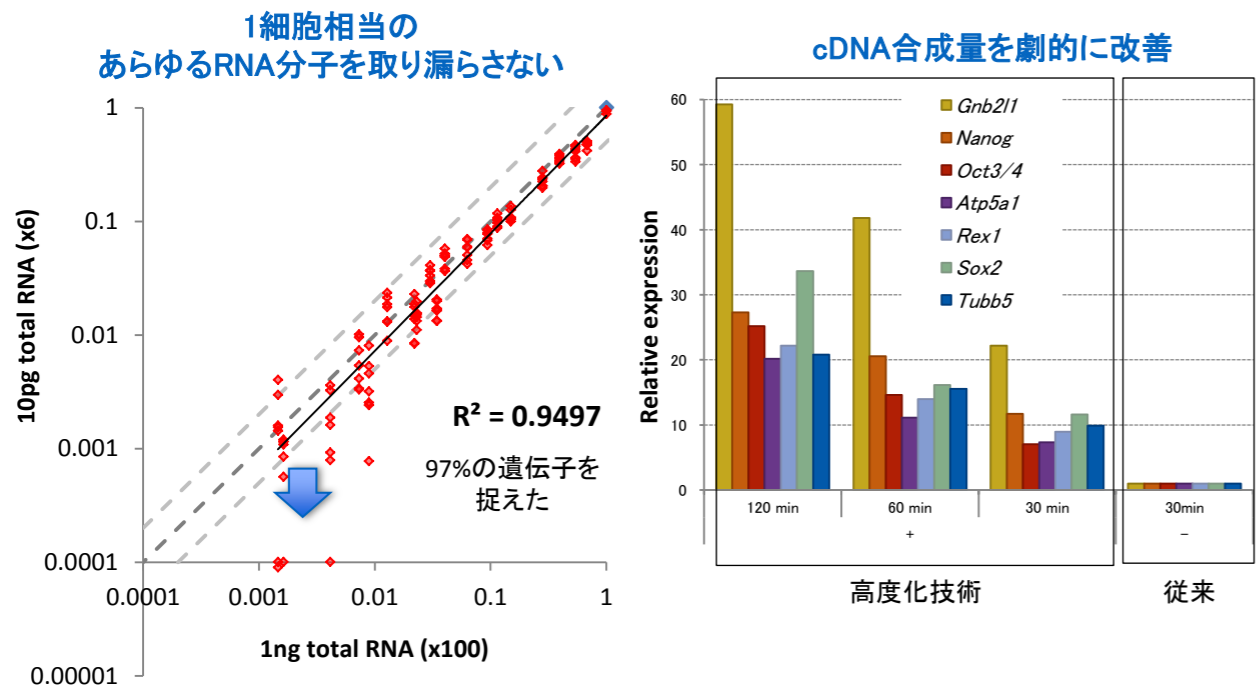
[E-mail] h.kanbara@kurenai.waseda.jp

m.hosokawa@aoni.waseda.jp

# 超微量RNAシーケンス技術の高度化

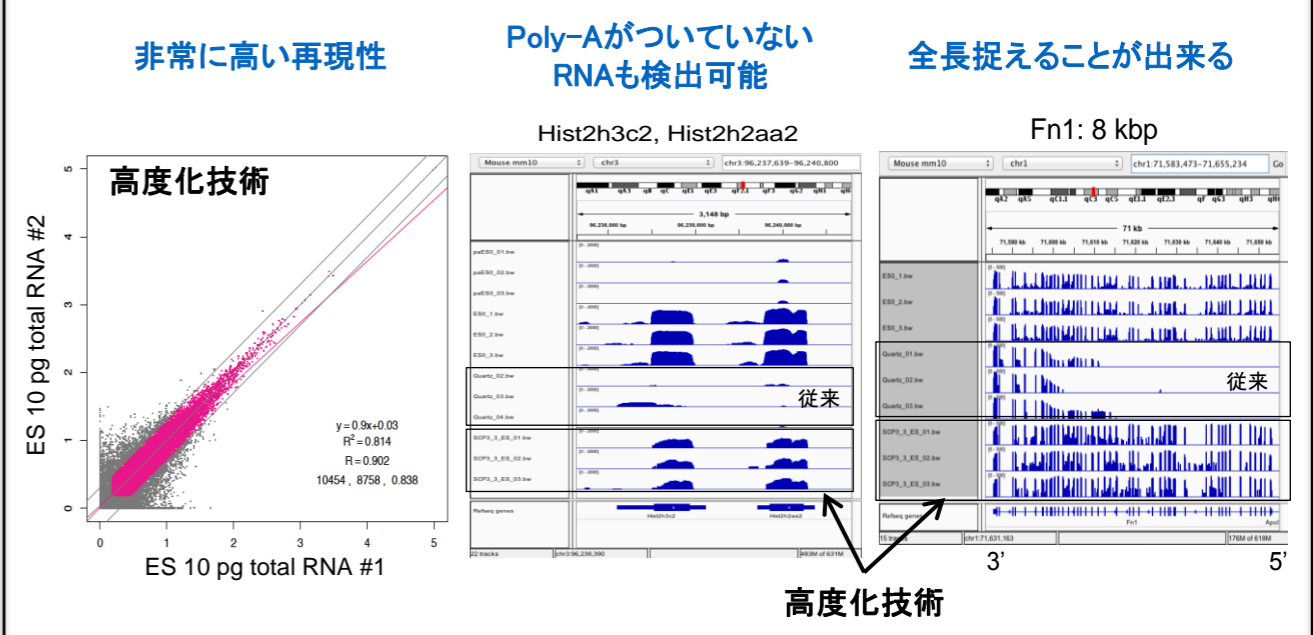
## [技術の概要]

### 超微量RNAからのcDNA作製技術

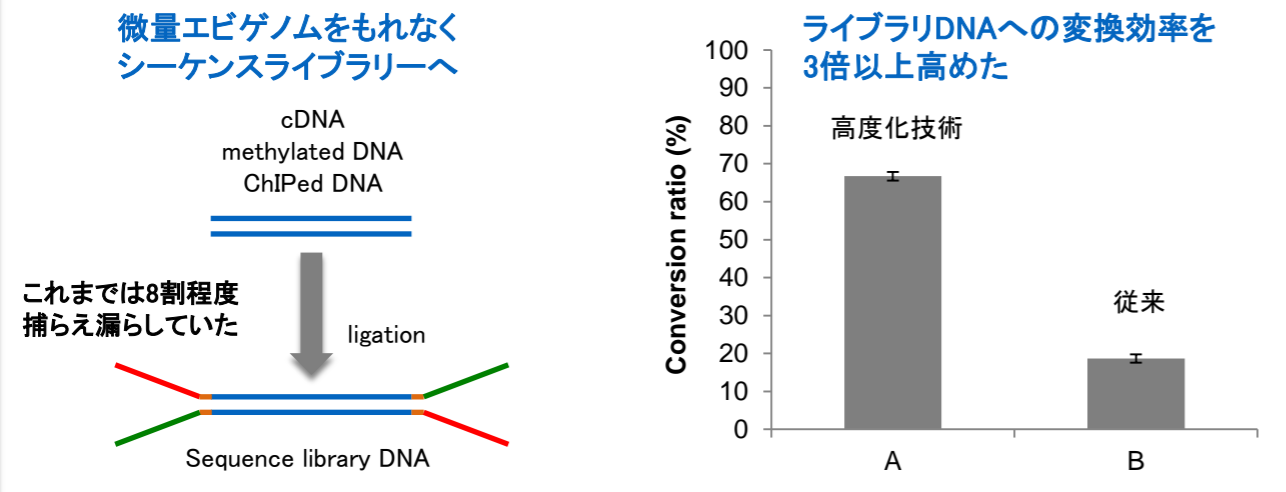


## [技術の利用例]

### 1細胞RNA-seqへの応用



### 高感度シーケンスライブラリ作製技術



### 連絡先

[所属] 理化学研究所情報基盤センター  
バイオインフォマティクス研究開発ユニット

[名前] 二階堂 愛

[E-mail] support-bit@riken.jp

# 包括的1細胞トランスクリプトーム解析

## [技術の概要]

高度化支援技術では、数千～数万細胞の包括的な遺伝子発現を同時に解析する方法を確立することで、細胞集団の階層性を明らかにし、真の細胞状態を把握することを目的とする。

本技術はバーコード化されたマイクロビーズと直径25–35 $\mu\text{m}$ のマイクロウェルを用い、1細胞由来のmRNAをビーズにトラップし、バーコード化cDNAを合成する技術である。個々の細胞由来のRNAのバーコード化により～数万細胞の遺伝子発現解析が可能となる。

### 支援に供する設備名など

小型遠心機、振盪機、顕微鏡

## [技術の利用例]

組織における細胞の多様性の解析  
がんマーカー、分子マーカーの同定  
がん微小環境の解析(浸潤免疫細胞、上皮、内皮、線維芽細胞等)  
—それに伴う新しい分子診断

ES細胞、神経細胞等の細胞発生、分化と疾患での細胞間相互作用

### 連絡先

[所属] 金沢大学医薬保健研究域医学系

[名前] 橋本真一

[E-mail] hashimoto@med.kanazawa-u.ac.jp