

高感度新規 cDNA 増幅法(TAS-Seq法)を用いた whole transcriptome single-cell RNA-seq 解析

イムノジェネテクス株式会社 代表取締役
今村 佳正

シングルセル（単一細胞）解析は、1細胞レベルで mRNA 解析を行うことで細胞集団の平均的な解析ではなく、個々の細胞集団、さらには組織微小環境全体の多様性を解析でき、新たな細胞集団の同定や疾病における細胞間相互作用、細胞ベースの薬剤スクリーニングなどへの有用性が広く知られるようになり、様々な研究に用いられてきている。

scRNA-seq の解析手法は細胞の分離、逆転写および cDNA 合成、シーケンシングライブラリの作製等それぞれ異なる手法が複数報告されているが、大きく分けて①解析可能細胞数が少ない（数百～数千）が、1細胞あたりの遺伝子検出感度の高い手法②解析可能細胞数が多い（数千～数万）が、1細胞あたりの遺伝子検出感度の低い手法の2つに分類できる。

in vivo の解析では遺伝子検出感度の高さ・解析可能細胞数の多さを両立させた手法の開発が求められているが、両者を満たす解析手法は存在せず、広がりを見せる scRNA-seq 解析要求を満たすには至っていない。

我々は数千～数万細胞解析可能な Beckton Dickinson 社の BD Rhapsody システムと固相担体より cDNA を高感度かつ安定的に増幅する独自技術の組み合わせにより、高い遺伝子検出感度を有し、かつ多数の細胞を解析可能な新規 whole-transcriptome scRNA-seq 解析法 (TAS-Seq 法) の開発に成功し、従来技術の課題であった多数の1細胞を高い遺伝子検出感度で解析することが初めて可能になった。

本技術により、従来法では発見できなかった新たな原因細胞や治療ターゲットの同定、新たな科学分野の開拓につながることを期待されます。

TAS-Seq: a robust and sensitive amplification method for beads-based scRNA-seq

[TAS-Seq: a robust and sensitive amplification method for beads-based scRNA-seq | bioRxiv](#)

1998年3月大阪大学大学院理学研究科卒業

1998年4月藤沢薬品工業株式会社（現アステラス製薬）入社

2015年4月株式会社PRISM（現PRISM BioLab）入社

2021年4月イムノジェネテクス株式会社入社

2021年6月イムノジェネテクス株式会社代表取締役 現在に至る