

希少細胞を対象とした超微量リボソームプロファイリング技術

理学研究科 生命科学専攻 佐藤 耕世



キーワード

Ribo-seq／希少細胞解析／超微量RNA解析／次世代シーケンス／オミクス解析

研究概要

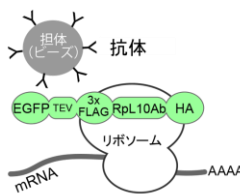
RNA-seqは細胞内で発現する mRNA を網羅的に解析できる一方、実際にタンパク質へ翻訳されている mRNA を直接捉えられないという制約があります。リボソームプロファイリングは、リボソームに結合した mRNA を解析することで、実際に翻訳中の mRNA を高解像度に解析できる技術として注目されています。しかし従来法では多数の細胞を必要とするため、組織内に存在する希少細胞や微小細胞集団への適用は量的・質的な制約により困難でした。当研究室では、複数のエピトープタグを付加した人工リボソームタンパク質を標的細胞に発現させ、多段階の生化学的精製を行うことで、わずか10細胞程度から得られる超微量RNA(1ピコグラム以下)からでも、次世代シーケンス解析用ライブラリを構築可能な超高感度リボソームプロファイリング技術を確立しました。本技術により、創薬研究、がん幹細胞解析、再生医療など、少数細胞を対象とした多様な生命科学研究・産業応用への展開が期待されます。詳細は、特開2024-077685をご参照ください。

アピールポイント

10細胞程度の超少数細胞から解析可能／1 pg以下RNAからライブラリ構築可能／翻訳中mRNAを直接解析し、タンパク質発現状態に近い情報を取得可能／生体内特定細胞集団を選択的解析可能／ライブラリ調製、シーケンス、データ解析まで一貫して実施可能

応用分野

創薬・薬効効果／がん・幹細胞研究／神経科学／再生医療／希少細胞オミクス解析



標的細胞に人工リボソームタンパク質を発現

↓
リボソーム-mRNA複合体の多段階精製↓
微量RNA (< 1 pg) からのライブラリ構築↓
次世代シーケンス → 翻訳レベルの解析