

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 μ 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^{*}を利用

^{*}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