

世界初、単一細胞での遺伝子発現制御解析に成功  
～幹細胞、がんの成立機序解明に期待～

九州大学、東京工業大学、東京大学の研究グループは、極めて少数の細胞を用いてエピゲノム情報注を取得できる「クロマチン挿入標識（Chromatin Integration Labeling:CHIL）」法を開発しました。本手法は、細胞を破壊することなしに、任意の転写因子やヒストン修飾注などが存在する領域の塩基配列を増幅することができるため、高感度での解析ができます。そのため、遺伝子の発現を制御する転写因子の結合位置やヒストン修飾を単一の細胞で測定することが世界で初めて可能になりました。

人体に存在する細胞は全て同一の遺伝情報を持ちますが、異なる組織を構成する細胞はそれぞれ特定の遺伝子を選択的に発現することで固有の性質を持つようになります。近年の技術革新により、単一の細胞での遺伝子発現（個々の遺伝子の RNA の存在量）を解析することが可能になっています。しかしながら、遺伝子の発現制御のメカニズムを理解するために不可欠なエピゲノム解析は、従来の手法では少なくとも数千個の細胞を必要としたため、幹細胞注など生体内にわずかしかなかった細胞への適用は極めて困難でした。本研究により開発された手法は、胚発生や細胞分化の制御機構など生命現象を制御する分子機構の解明に極めて有用であるとともに、がん研究・再生医療などへの応用が広く期待されます。

本研究成果は、2018年12月10日に英国科学雑誌「Nature Cell Biology」で公開された。

<研究者からの一言>

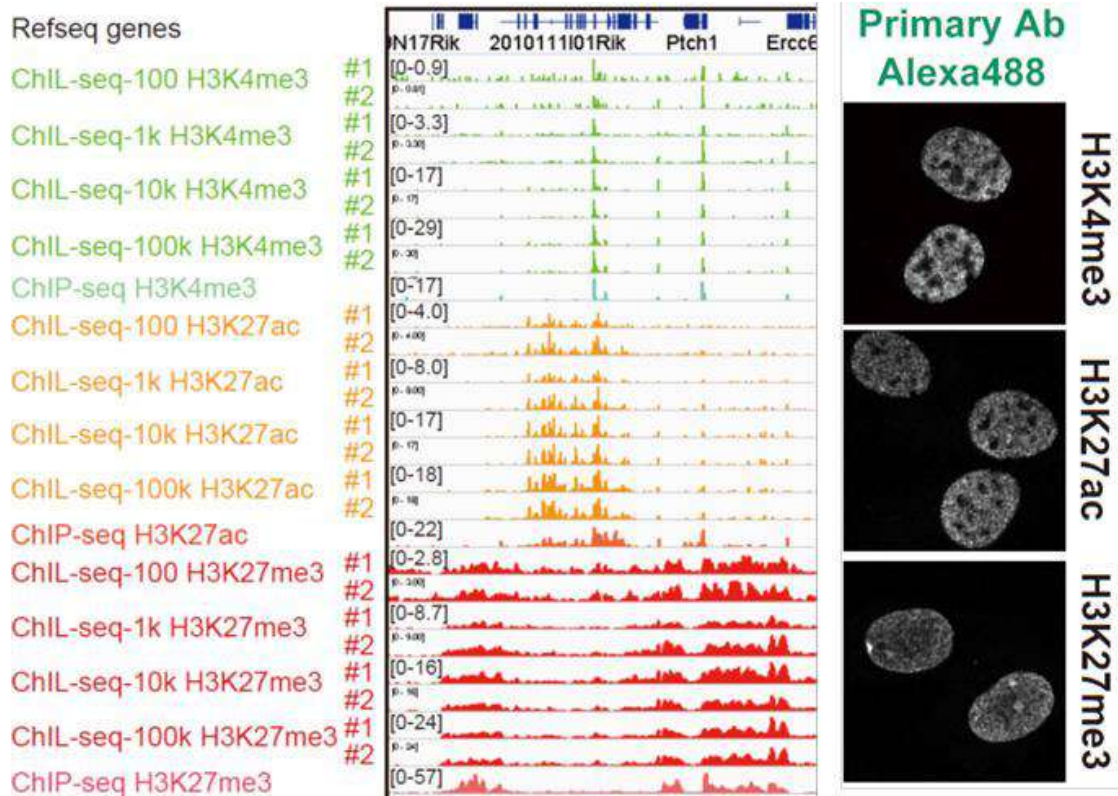
本技術は、私たちエピゲノム研究者として最も必要としている技術でもありました。アイデアの完成は早かったのですが、結局実用的な技術になるまで5年以上の歳月を経ることになりました。ぜひ、この技術を世界中で活用してもらって、これまで困難であった幹細胞による再生医療の実現、がんなどの機序解明や生命科学の大きな飛躍の一助になって欲しいです。

<ポイント>

細胞染色を基盤とした遺伝子発現制御情報（エピゲノム情報）解析技術を開発した。

単一細胞でのエピゲノム情報取得を可能にした。

開発した方法は、発生・分化・幹細胞の研究やがん研究・老化研究・再生医療への応用が広く期待される。



ゲノム DNA 上の転写因子やヒストン修飾を、抗体を基に作製したプローブで標識することで可視化し、標識周辺の DNA 配列を増幅させた後に大規模塩基配列決定することで、位置情報を獲得する技術です。

文 JST 客观日本編集部

日文发布全文 <https://www.jst.go.jp/pr/announce/20181211/index.html>