

唾液腺の全細胞地図: マウス・ヒトの全細胞トランスクリプトーム解析

～唾液腺の1細胞バイオロジー～

概要

近年、1細胞バイオロジー解析技術の発展に伴い、1細胞レベルでの遺伝子発現解析が出来るようになり、細胞の多様性や階層性の解析が出来るようになりました。今回、世界で初めてヒトとマウスの両方の唾液腺からの1細胞遺伝子発現解析を実施し、唾液腺の全細胞地図を作製しましたので、ご紹介いたします。

特徴

- ヒトとマウス由来の唾液腺組織からの1細胞単離技術を構築後、1細胞での遺伝子発現解析を実施し、唾液腺の全細胞地図を作製しました。
- 従来の遺伝子発現解析は、組織つまり細胞集団における平均状態の解析であったが、1細胞レベルでの遺伝子発現解析で細胞の多様性を見出しました。
- 本解析により、唾液腺の細胞種ごとの遺伝子発現データベースを構築し、細胞種特異的に発現している遺伝子を見出すことに成功しました。

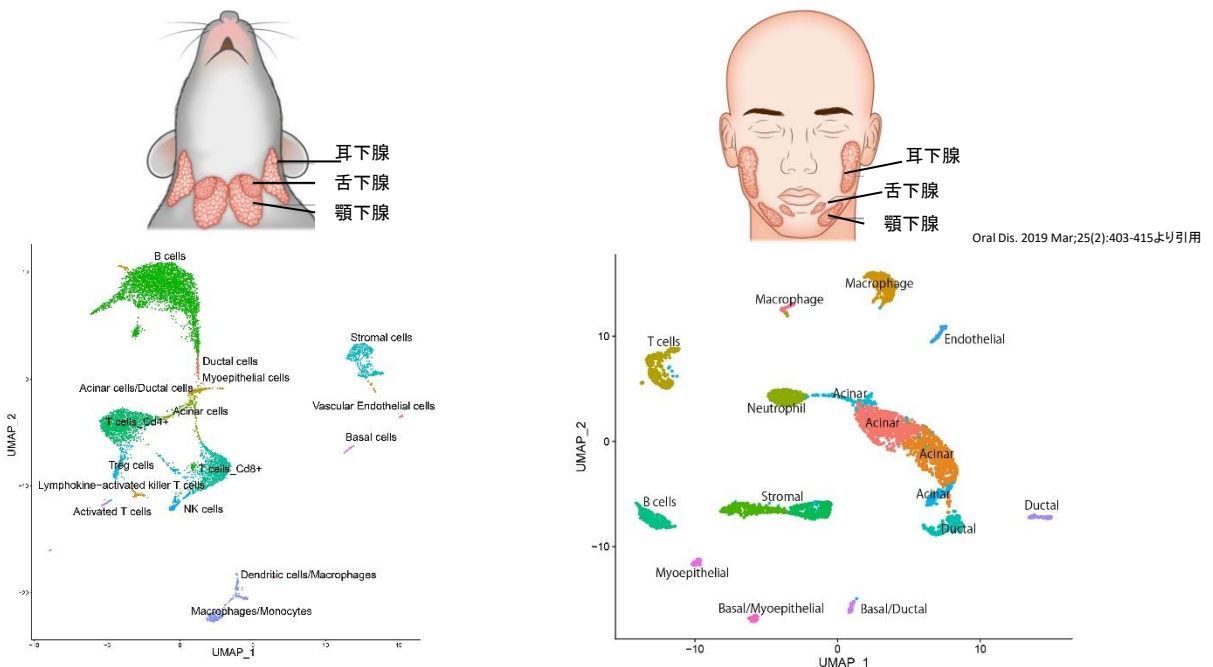
今後の展開

- 唾液腺特異的な遺伝子発現データベースを活用する事で、今後唾液腺由来細胞あるいは唾液を解析し、新たな生命現象の解明やバイオマーカーの発見に繋げていきます。

対コロナへの関連

- 唾液がCOVID-19の診断に用いられている様に、生体内情報を唾液から予測診断する事が可能です。唾液には未だ解明されていない重要な情報が蓄積されている可能性があると考えています。

マウス・ヒト唾液腺の全細胞地図概要



連絡先: 佐藤匠徳特別研究所 担当 浦山恭次 E-Mail: urayama@atr.jp

本研究は、公益財団法人 中谷医工計測技術振興財団の研究助成により推進しています。