

## 研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 細胞間相互作用の理解に資するゲノムワイド1分子遺伝子空間分布解析

2. 個人研究者名

小口 祐伴 (科学技術振興機構 さきがけ研究者/理化学研究所開拓研究本部 研究員)

3. 事後評価結果

Single cell RNA-Seqに空間情報を付加する技術は非常に注目される分野であり、多くの研究者が取り組む競争の激しい研究分野である。本研究者は、これまでに開発を進めてきた非増幅シーケンス原理を応用し、非増幅シーケンサーと既存の次世代シーケンサーを併用することによって網羅性と1分子単位の空間精度を兼ね備えた空間遺伝子発現解析技術の開発に取り組んだ。

まず、独自の1分子シーケンスプラットフォーム技術を活用し、バーコード配列解析技術の開発に成功し、論文発表を達成したことは評価できる。次に、mRNA補足プローブの密度を高くすることで遺伝子発現の高感度検出を達成した。しかし、mRNAを未補足の補足プローブによるバックグラウンドの回避に想定以上の時間を要した。最終的に非増幅シーケンス基板外でmRNAのcDNA化とバーコーディングを行い、後から基板上に転写して解析する方法を確立した。現在、細胞由来の高密度のcDNAを1分子単位の解析するという問題も解決しつつある。

競合技術が次々と生まれている状況であるが、これら競合情報を良く吟味し、開発したオリジナルな技術のメリットを生かせる場を、さきがけ研究として提案した枠組みだけにとらわれることなく産学を含めた幅広い選択肢に求めてイノベーションにつなげていって欲しい。