発現・機能解析ユニット

油谷　浩幸
（東京大学先端科学技術研究センター・シニアリサーチフェロー）

先端的1細胞オミックス・エピトランスクリプトーム解析の支援と高度化

野村　征太郎（東京大学大学院医学系研究科 先端循環器医科学講座 特任准教授）
上田　宏生　（千葉大学 健康疾患オミクスセンター　特任准教授）



油谷浩幸　野村征太郎　上田宏生

概要

シングルセル解析

RNA修飾/スプライシング/ポリA長

1細胞（核）RNA/ATAC-seq　空間的オミックス解析

先端的1細胞オミックス解析
エピトランスクリプトーム解析

ゲノム解析・エピゲノム解析　透明化・超解像イメージング

高度化
・解析スケールの大規模化
・多層オミックス間や表現型情報との連結
・分子の量的な計測（発現）と質的な計測（構造）を連結
・物理現象（相分離・複合体）と化学現象（転写・翻訳）の連結

空間的解析　支援　ロングリード解析　支援

支援
支援実績　37件

期待される効果
・BINDS事業全体としての成果最大化
・横断的な最先端研究の融合による革新的な解析手法の開発
・創薬を含めたライフサイエンス研究の発展
・国際競争力の高い研究力を有する人材の育成

多様な組織・疾患・オルガノイドを対象に、細胞・核抽出から1細胞トランスクリプトーム、クロマチン解析、空間オミックス解析まで一貫した支援を提供している。さらに、組織に応じた細胞セグメンテーション技術の開発や、遺伝子発現・エピゲノム・病理情報の統合解析を高度化し、細胞状態や細胞間相互作用、転写制御ネットワークを解明する。これらを通じて、疾患機序の理解から創薬標的の同定、治療法開発へとつながる研究を推進している。

Nanopore direct RNA sequencing（DRS）を用いて、mRNAからrRNA・ncRNAまで多様なRNAを対象としたエピトランスクリプトーム解析を支援している。RNA配列と修飾情報を同一分子から取得し、既知RNA修飾の検出に加えて、IVT・修飾酵素KO/KDとの比較による未知修飾候補の探索、splicing・RBP情報との統合解析、chemical probingを利用した修飾検出へ展開している。

支援の内容

先端的1細胞オミックス解析支援

支援に用いる主な技術

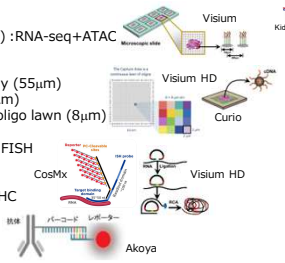
1細胞解析
Chromium/ChromiumX (10X Genomics) :RNA-seq+ATAC

空間解析
Visium (10X Genomics) :spot oligo array (55μm)
Curio seeker (Curio): bead array (~10μm)
Visium HD (10X Genomics) :barcoded oligo lawn (8μm)

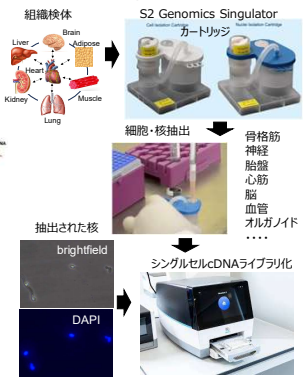
CosMx (Nanostrings/Bruker) : multiple FISH
Xenium (10X Genomics): multiple FISH

PhenoCycler-Fusion (Akoya): Multiple IHC

ATAC: Assay for Transposase-Accessible Chromatin
FISH: Fluorescent in situ hybridization
IHC: Immunohistochemistry

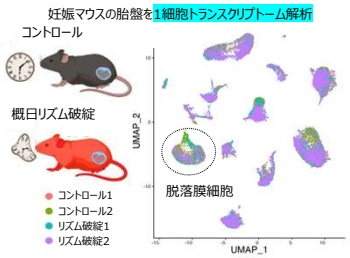


1細胞解析の際の組織処理からデータ取得まで



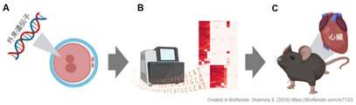
概日リズム破綻によって胎児の代謝異常が惹起

妊娠マウスの胎盤を1細胞トランスクリプトーム解析



Yao, Nomura et al. Cell Metabolism. 2025

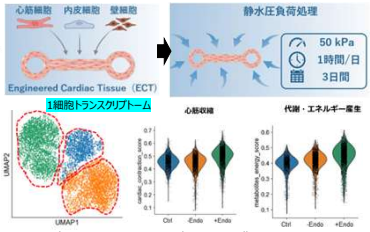
遺伝子改変マウス作製を高効率化する新技術開発



DNAバーコードを付加した外来遺伝子を導入したTgマウスを作製し、各細胞のバーコードをNGS解析

Okamura, Aburatani, et al. iScience. 2026

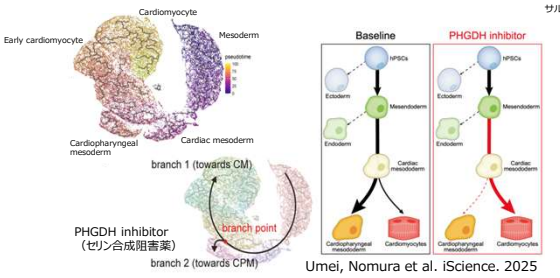
iPS心筋組織の加圧による成熟化機構の解明



内皮細胞（Endo）を加えたiPS心筋組織において加圧で成熟化が促進する

Maihemuti, Nomura et al. Stem Cell Reports 2026

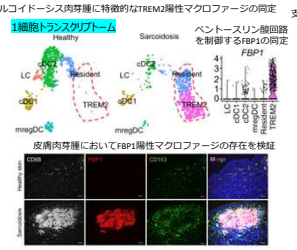
iPS細胞からの心筋分化系を用いたセリン合成阻害による心臓中胚葉→心筋細胞への分化制御機構の解明



Umei, Nomura et al. iScience. 2025

空間オミックス解析でサルコイドーシス肉芽腫のFBP1陽性マクロファージを発見

サルコイドーシス肉芽腫に特徴的なTREM2陽性マクロファージの同定



支援で実施したマルチプレックス免疫染色の結果が掲載雑誌の表紙を飾った。



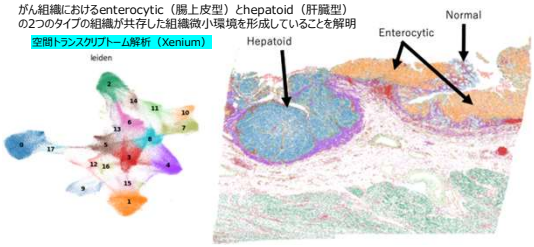
多重免疫染色（Akoya）

Nakamizo, Nomura et al. J Clin Invest. 2023

AFP産生胃がんの空間トランスクリプトーム解析（Xenium）

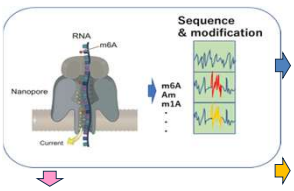
がん組織におけるenterocytic（腸上皮型）とhepatoid（肝臓型）の2つのタイプの組織が共存した組織微小環境を形成していることを解明

空間トランスクリプトーム解析（Xenium）



エピトランスクリプトーム解析支援

ナノポアダイレクトRNAシーケンスを用いたRNA修飾解析支援。
修飾塩基の電流値を直接計測することにより、配列情報に加え、修飾を検出する。



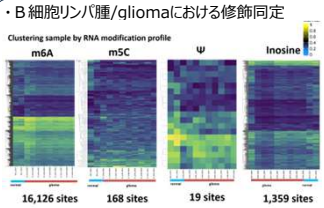
mRNA / long-read
→ RNA修飾検出 (m6A, m5C, Ψ, inosine)
→ splicing・isoform解析
→ RBP・DNA methylationとの統合
（課題4109:RBPとの統合解析、Bリンパ腫
4919:新規修飾解析、8271:神経細胞）

mRNA (比較あり)/ rRNA / ncRNA
→ Native/WT vs IVT/KO
→ signal差による修飾候補検出
高修飾密度RNAに対応した解析を支援
（課題7131,7305,7419: rRNA解析）

Chemical probing
→ ICE法 などの化学標識による
Inosine・その他修飾の検出
（課題6281：イノシン修飾検出）

mRNA修飾検出

・B細胞リンパ腫/gliomaにおける修飾同定

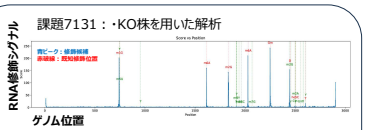


Gliomaにおける4種のRNA修飾の変動

・課題4109　RBPとの統合解析
IDH変異株でのm6A修飾の増加を確認。
改良柄eCLIP, SCALE-CLIP における統合解析
Yoshida et al, SCALE-CLIP（submitted）

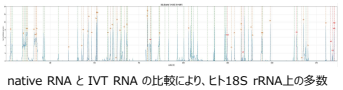
ncRNA修飾検出

課題7131：・KO株を用いた解析



修飾酵素KOに応じて既知修飾位置のピークが消失し、検出法を検証
（ in preparation ）

課題7305,7419：
・ヒトrRNAへの修飾導入/非モデル生物での解析



native RNA と IVT RNA の比較により、ヒト18S rRNA上の多数の修飾候補を検出
細胞種間比較により、修飾状態の差異を評価可能
ヒトおよび非モデル生物rRNA解析へ展開
（ Chujo et al, in preparation ）

COI:
油谷 浩幸：社会連携部門（株式会社GenMine Labs）
野村 征太郎：寄附講座（ノイファルマ株式会社、アンジェス株式会社、バイオストリーム株式会社）
上田 宏生：技術顧問（株式会社GenMine Labs）