

課題番号 : F-19-WS-0079
 利用形態 : 機器利用
 利用課題名(日本語) : 微小液滴を利用したシングルセルゲノム解析
 Program Title (English) : Genetic analysis and spectroscopy of tissues, cells and bacteria
 利用者名(日本語) : 細川正人¹⁾、西川洋平^{2,3)}、遠藤垂穂⁴⁾、小川雅人^{2,3)}、山下和希³⁾、柳澤有祐³⁾、實野佳奈³⁾、辻光倭⁴⁾、佐伯達也⁴⁾、依田卓也⁴⁾
 Username (English) : M. Hosokawa¹⁾, Y. Nishikawa^{2,3)}, T. Endo⁴⁾, M. Kogawa^{2,3)}, K. Yamashita³⁾, Y. Yanagisawa³⁾, K. Jitsuno³⁾, K. Tsuji⁴⁾, T. Saeki⁴⁾, T. Yoda⁴⁾.
 所属名(日本語) : 1)早稲田大学理工総研, 2)産総研 CBBB-OIL, 3)早稲田大学先進理工学部, 4)早稲田大学ナノライフ創新研究機構
 Affiliation (English) : 1) Res. Inst. for Sci. & Eng., Waseda Univ. 2) CBBB-OIL, AIST-Waseda Univ. 3) Dept. Adv. Sci. & Eng., Waseda Univ. 4) Res. Org. for nano life innov. , Waseda Univ.
 キーワード/Keyword : 分析、シングルセル、微小液滴

1. 概要(Summary)

未培養系統が多数存在する環境微生物の研究にあたってシングルセルゲノム解析技術は有用であるが、実験コストなど多くの課題が存在している。そこで、微小液滴を利用した効率的なシングルセルゲノム解析手法の開発を行った。

2. 実験(Experimental)

【利用した主な装置】

CCP-RIE 装置, 両面マスクアライナ

【実験方法】

上記装置を用いて作成した 100 μm 以下の流路を有するマイクロ流体デバイスを用いて、ピコリットルサイズの微小液滴を作成した。高速に生成される微小液滴を個別の反応場として利用することで、環境微生物に対する超並列的なシングルセルゲノム増幅手法を構築した (Fig. 1)。

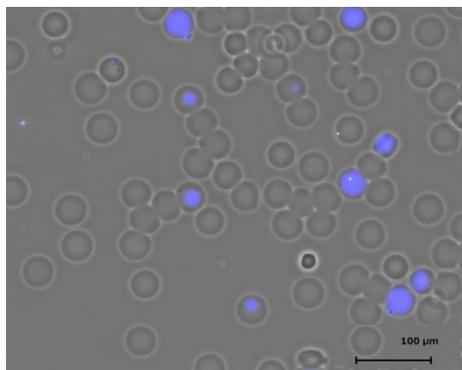


Fig. 1 Single-cell genomic amplification in microdroplets

3. 結果と考察(Results and Discussion)

開発したシングルセルゲノム解析手法を用いてマウス腸内細菌叢の解析を行うことで、300 サンプル以上の微生物由来シングルセル増幅ゲノムおよび 31 株の微生物ドラフトゲノムが獲得された (Fig. 2)。さらに、プレバイオティクスであるイヌリンの給餌による腸内細菌叢の変動と合わせて、獲得した微生物ドラフトゲノムを解析することで、イヌリン分解能を有する *Bacteroides* 細菌の特定に成功した。上記結果は、論文(1)にて報告している。

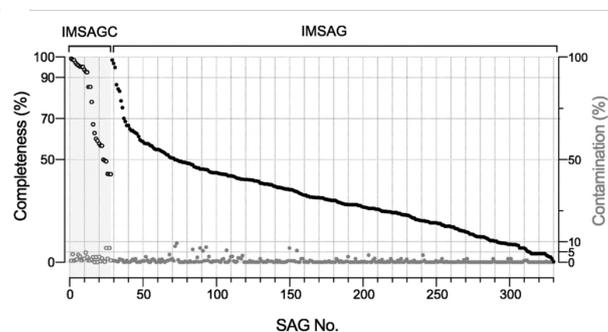


Fig. 2 Quality evaluation of the obtained mouse intestinal bacterial genome (Adapted from paper (1)).

4. その他・特記事項(Others)

なし。

5. 論文・学会発表(Publication/Presentation)

(1) R. Chijiwa, M. Hosokawa et al. *Microbiome* 8, 5, (2020).

6. 関連特許(Patent)

なし。