

# 大学院特別セミナーのご案内

**日時：**令和7年9月9日（火） 17:30～19:00

**場所：**歯学研究科D棟4F 大講義室

**講師：**鹿島 誠 先生

東邦大学 理学部 生物分子科学科 講師（分子情報発生生物学研究室）

**演題：**データ駆動型生物学を身近にする低コスト・ハイスループットなRNA-Seq 技術群

**概要：**RNA-Seqは遺伝子発現の全容を観察する有用なツールであり、近年はsingle cell RNA-Seqも普及し、生物学にとってなくてはならないツールになっている。その一方で、single cell RNA-Seqはもちろんbulk RNA-Seqであっても一般的に費用や手間がかかる実験手法であり、時系列解析や他条件間比較など大規模な実験を実施するハードルは依然高い。演者は、独自のRNA抽出法とRNA-Seqライブラリー調製法を開発し、RNA-Seqの低コスト化・ハイスループット化に挑戦してきた(Kamitani and Kashima et al., Sci. Rep.,2019, Ujibe and Kashima et al., bio-protocol, 2021)。その結果、現状、数十万円の費用で数百検体のbulk RNA-Seq の実施を実現している。本セミナーでは、演者が開発してきたRNA-Seq技術を紹介するとともに、それらの技術を用いた研究例を紹介する。まず、ゼブラフィッシュ性決定過程の研究を通じて、個体差や系統間差を伴う生命現象に対しての多検体RNA-Seqの有用性を紹介する。さらに、プラナリアの再生過程の研究例を通じて、個体差を伴う生命現象を調べる上での反復数の重要性及び情報解析手法の重要性を議論する。最後に、最近運用を開始した数千細胞を十万円程度で解析可能な独自の低コストかつスケラブルなsingle cell RNA-Seq系とその実施例を紹介する。bulk RNA-Seqおよびsingle cell RNA-Seqの低コスト化により、誰もが手軽にデータ駆動型研究へアクセスできる時代が到来しつつあることを、本セミナーを通じて実感していただきたい。

**問い合わせ先：**組織・発生生物学講座（内線2874）