

高深度オミクス解析部門

High-Depth Omics Initiatives for Innovation

助教

伊藤 由馬

Assistant Professor : Yuma Ito, Ph.D.

E-mail : yuma.ito@bioreg.kyushu-u.ac.jp



高深度の空間オミクス技術を開発し、次世代の高精度病理診断を可能にする

■研究概要

生体を構成する臓器や組織では、多種多様な細胞が空間的に厳密に配置され、高度な生理的機能を維持している。これらの細胞は、膨大な種類の遺伝子から異なる量のRNAやタンパク質を産生している。オミクス技術の発達により、これらの発現産物の網羅的な解析が可能になり、機能や疾患に関わる細胞型の同定が進んだ。空間オミクス技術は、従来の次世代シーケンサー等のような、組織を個々の細胞にまでばらばらにする手法とは異なり、多数種の遺伝子発現産物の量を、1つの組織サンプル上で網羅的に解析できる技術である。本技術を利用した組織切片の病理診断によって、病気の原因となる細胞と、その原因である遺伝子の働きの異常等が、病理切片上の位置と紐づいて解明できると期待される。しかし、市販の空間オミクス機器と試薬は極めて高価であり、解析可能な組織や遺伝子等に対する柔軟性が低いという課題がある。

本共同研究部門では、九州大学と株式会社ニコンソリューションズの産学連携により、すでに開発済みの空間オミクス技術をさらに発展させ、単一細胞の高精度かつ高分解能な空間オミクス技術(高深度空間オミクス技術)および機器を開発する。開発技術をヒト検体の解析に応用し、従来のオミクス技術では見出すことができなかった、病理組織の空間情報に紐づいた細胞機能の生物学的知見を蓄積し、病気のマカニズムの解明をおこなう。次世代の高精度病理診断の実用化を通して、医学への貢献を目指す。

■Research Projects

In living organisms, various cells are spatially organized to maintain physiological functions and produce different amounts of RNA and proteins from multiple genes. Omics technology allows for the comprehensive analysis of these products and identifying cell types in health and disease. Unlike conventional methods, which dissect tissues into individual cells, spatial omics technology enables comprehensive analysis of the expression products on a single tissue sample. Pathological diagnosis of tissue sections using this technology is expected to elucidate disease-causing cells and gene abnormalities related to their location. However, commercial spatial omics tools are expensive and limited in analyzing diverse tissues and genes.

In this collaborative research department, Kyushu University and Nikon Solutions Co., Ltd. will develop high-depth spatial omics technology with high precision and resolution of single cells. We will apply the technology to analyze human specimens to understand cellular functions linked to location on tissues and elucidate disease mechanisms. We aim to contribute to medicine by applying next-generation high-precision pathological diagnosis.

■Major Recent Publications:

1. Ito Y., Hirose M., Tokunaga M.
Slitflow: A Python framework for single-molecule dynamics and localization analysis. *SoftwareX* 23: 101462, 2023.
2. Uchino S., Ito Y., Sato Y., et al.
Live Imaging of Transcription Sites Using an Elongating RNA Polymerase II-Specific Probe. *J. Cell Biol.* 221(2): e202104134, 2022.
3. Matsumori H., Watanabe K., Tachiwana H., et al.
Ribosomal protein L5 facilitates rDNA-bundled condensate and nucleolar assembly. *Life Sci. Alliance.* 5(7): e202101045, 2022.