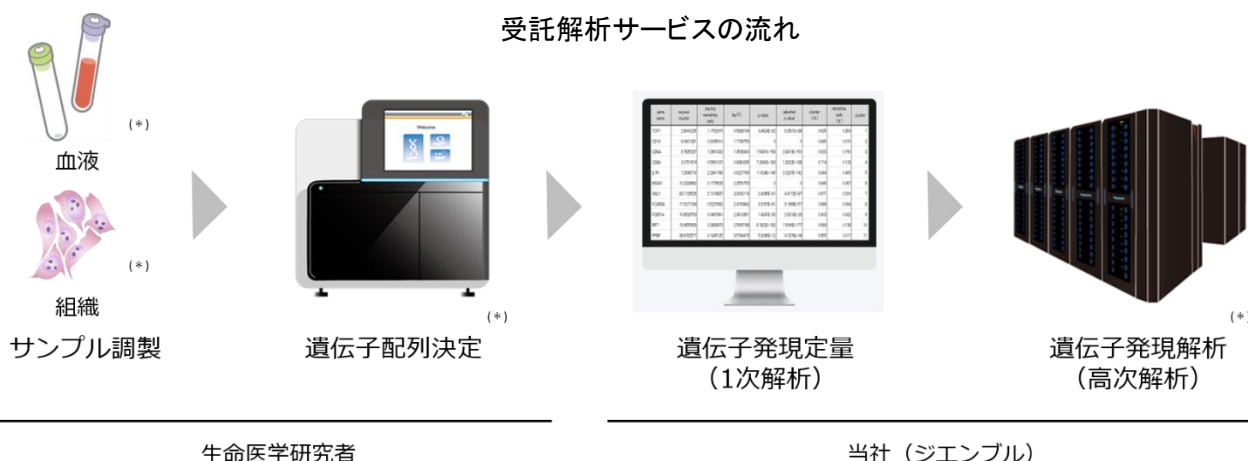


## 理研の技術を実用化、がんゲノム医療や再生医療の進展を支援する 「シングルセル完全長 total RNA シーケンスデータ解析サービス」を開始

～ 従来検出が難しかった 1 細胞ごとに発現変化する多種多様な RNA\*1 情報のデータ解析サービスを提供 ～

ゲノム解析サービスを提供する株式会社ジエンブル(本社:福岡県福岡市、代表取締役:竹添裕高)は、理化学研究所(埼玉県和光市 理事長:五神 真、以下理研) 生命機能科学研究センター バイオインフォマティクス研究開発チームら共同研究チームが開発した「1細胞完全長トータル RNA シーケンス法(RamDA-seq™)」\*2 及び 1 次解析ワークフロー「RamDAQ」\*3を基に、これまで検出が難しかった 1 細胞レベルでの多種多様な RNA の発現解析を可能とする「シングルセル完全長 total RNA シーケンスデータ解析サービス」を 2022 年 7 月 4 日(月)より正式に提供を開始致します。



2019 年 6 月にがんゲノム医療が一部保険適用となり、がん組織の多数の遺伝子を調べて、患者の体質や病状に合わせた治療が行われています。最近の研究では、がん組織等では個々の細胞で性質が異なることが明らかとなり、治療に向けて 1 細胞ごとの全遺伝子解析の有効性が示されてきました。また近年、iPS 細胞等による再生医療に関する研究や治験が国内外を問わず精力的に進められています。これまで有効な治療法がなかった疾患の治療が可能になるなど社会の期待は大きい一方、再生医療における移植細胞の安全性が求められています。移植細胞が適切な細胞タイプや状態であるかを確認するためには、個々の細胞に含まれる RNA の種類と量を網羅的に調べるのが有効です。しかしながら、検体が微量であることや計測原理の問題により、従来法では検出できる RNA の種類が少なく、また RNA 全長の一部が検出されないため、疾患の原因や安全性評価の指標となる RNA を網羅的に把握できないという課題がありました。

理研が 2018 年 2 月に開発した「RamDA-seq™」及び 2020 年 12 月に開発した 1 次データ解析ワークフロー「RamDAQ」により、これまで検出が難しかった 1 細胞中の特殊な RNA(非 polyA 型 RNA\*4)を含む多種多様な RNA の量とその全長を偏りなく計測できるようになりました。

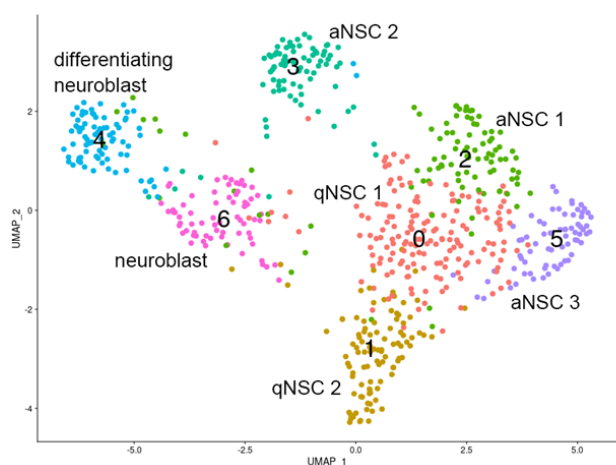
当社は、理研の技術指導を受けこの技術を実用化すると共に、長年培ってきたゲノムデータ解析(高次解析)技術を組み合わせることで、1 細胞レベルで異なる多種多様な RNA の網羅的な発現解析を可能とする受託解析サービス「シングルセル完全長 total RNA シーケンスデータ解析サービス」の提供を正式に開始致します。今後は、更にサンプル調製からの一連の受託解析サービスの提供と、医療現場での技術の実用化を目指します。

## 【 シングルセル完全長 total RNA シーケンスデータ解析サービス概要 】

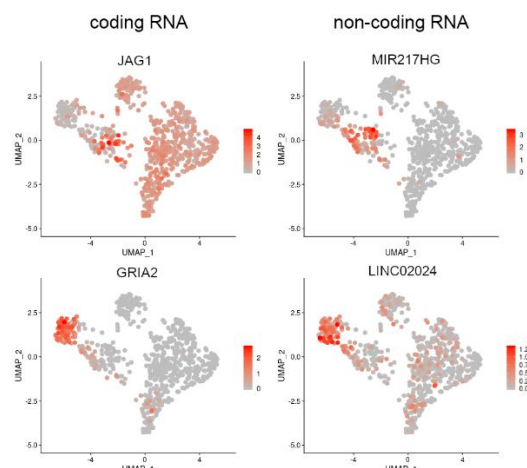
### ■特徴

- (1) 従来法では計測できない 1 細胞中の特殊な RNA (非 polyA 型 RNA) を含む多種多様な RNA の発現解析が可能
- (2) 1 細胞レベルで遺伝子全長に渡って偏りのない発現解析が可能
- (3) 従来法に比べて、特殊な RNA を含む約 2 倍の遺伝子種の発現解析が可能

### ■解析例



ヒト iPSC 細胞由来神経幹細胞塊中の細胞タイプ推定結果



遺伝子発現分布

■販売開始日 : 2022 年 7 月 4 日 (月)

※受託解析サービスに関する詳細情報は、[当社ウェブサイト](#)でご覧頂けます。

### 【 用語説明 】

#### \*1 RNA

ゲノム(細胞が持つ全遺伝情報)中の個々の遺伝情報がコードされた領域が遺伝子です。遺伝子の情報は、RNA として読み出されます。

#### \*2 1細胞完全長トータル RNA シーケンス法 (RamDA-seq™)

多様な RNA の発現量と全長を 1 細胞ごとに計測する方法 (RNA シーケンス法)。タンパク質をコードする mRNA に加え、ヒストン mRNA、長鎖ノンコーディング RNA、mRNA 前駆体、環状 RNA、エンハンサー RNA なども検出できます。

(Hayashi T. et al. Nature Communications, 2018)

#### \*3 RamDAQ

理研と筑波大学 医学医療系 バイオインフォマティクス研究室が共同開発した、RamDA-seq™ 用の情報解析ツール (1 次データ解析ワークフロー)。

#### \*4 非 polyA 型 RNA

RNA は、3' 末端に polyA 配列を持つ polyA 型 RNA と、持たない非 polyA 型 RNA に分けられます。非 polyA 型 RNA は、これまでその多くは機能が分かっていなかった RNA 種ですが、近年、疾患や細胞分化、遺伝子発現の制御といった重要な生命現象に関与することが明らかとなり応用が期待されています。

## 株式会社ジェンブルについて

「生命情報技術による健康課題の解決を通じて、“自分らしく生きる”を応援する」を理念に、バイオテクノロジーと情報技術による生命医学研究の支援と、医療分野での診断サービスの提供を目指す研究開発型のバイオメディカル IT 企業です。膨大なゲノムデータの解析に強みを持ち、特に「シングルセル RNA シーケンスデータ解析」は、国内でいち早くサービスの提供を開始し、高度な解析技術やノウハウと多くの受託実績を有しています。

2016 年に国家戦略特区「グローバル創業・雇用創出特区」である福岡市の創業支援事業（インキュベート事業）の対象企業に認定され、福岡市の全面的なご支援を受け事業を展開して参りました。その後、2017 年より福岡システム LSI 総合開発センターにて、公益財団法人福岡県産業・科学技術振興財団のご支援によりさらに事業を推進しています。2018 年には独立行政法人中小企業基盤整備機構「Tech200」（AI・IoT・先端ものづくり企業リスト 200）に掲載され、2019 年には東京大学との共同研究成果を発表しました。2020 年には理化学研究所との技術指導契約を締結し、更なる解析技術の高度化を進めています。2021 年には東大柏ベンチャープラザに関東本社・研究開発センターを開設し、九州本社との 2 拠点体制で事業を拡大しています。今後も皆様のご支援のもと、生命医学研究および医療のニーズに応えるべく積極的な事業展開を図って参ります。

### 【 会社概要 】

会社名 : 株式会社ジェンブル(英文名:Genble Inc.)

所在地 : 〒814-0001 福岡県福岡市早良区百道浜 3-8-33 福岡システム LSI 総合開発センター4 階

代表者 : 代表取締役 竹添裕高

設立 : 2015 年 12 月 17 日

URL : <https://genble.co.jp/>

事業内容: ゲノム解析サービスおよび病気の診断や予測、創薬標的分子に関する研究及び開発

### 【 お客様からのお問い合わせ先 】

お問い合わせフォーム

<https://genble.co.jp/contact/>

### 【 本リリースに関する報道機関からのお問い合わせ先 】

広報部

TEL : 04-7199-9246(平日 9:00 - 18:00)

e-mail : [info@genble.co.jp](mailto:info@genble.co.jp)

以上