

課題名 (タイトル) :

免疫細胞の遺伝子発現解析およびエピジェネティック解析

利用者氏名 : 吉田 英行

理研での所属研究室名 : 統合生命医科学研究センター 免疫遺伝子発現研究 Y C I ラボ

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

免疫システムは生体の恒常性維持に働き、感染症を惹起させる免疫不全や、関節リウマチや1型糖尿病といった自己免疫疾患など、様々なヒトの病気と密接に関係する。免疫システムの理解はこれらの病気の予防や治療に役立つと考えられ、精力的に研究が進められてきているが、様々な液性因子と免疫細胞により構成される複雑な免疫システムの包括的理解は容易ではなく、いまだ解明されていない部分も多い。

近年の技術的進歩は新しい手法を生物・医学研究の分野にもたらし、次世代シーケンシング (NGS) の技術を基にした RNA-seq, ChIP-seq や ATAC-seq といった技術は、免疫細胞を遺伝子発現やエピジェネティクスといった様々な側面から解析することを可能にし、免疫システムの包括的理解を進める上で有効な手段となってきた。しかしながら、NGSにより得られるデータは1サンプルにつき数GBにも及び、その解析には多大なコンピューターリソースが必要となる。HOKUSA I を活用することで、多くのデータを効率よく解析することが可能であり、免疫システムの理解を進めることを目的とする本プロジェクトでは HOKUSA I の利用が肝要である。

2. 具体的な利用内容、計算方法

NGSにより得られたデータの処理および解析に HOKUSA I を利用した。具体的にはNGSデータの処理に標準的に使われている Bowtie, TopHat, HISAT2 や MACS2 といったプログラ

ムを用いて我々のサンプルデータを処理したほか、PythonやRといったプログラム言語を用いデータ解析を行った。

3. 結果

~90種類の免疫細胞についての解析を試み、免疫細胞の差異につながる遺伝子発現と、それを裏付けるメカニズムについての解析を論文投稿へ向け進めている。

4. まとめ

NGSデータの解析には、プロジェクトの規模やデータの処理・解析に応じたコンピューターリソースが必要となる。HOKUSA I を活用することで、多大なコンピューターリソースが必要とされる局面であっても迅速な処理・解析を行うことができ、プロジェクトを効率的に進めることが可能であった。

5. 今後の計画・展望

NGSの技術を利用した解析は様々な局面に有効であり、免疫システムの包括的理解に向け、異なるタイプの免疫細胞や異なる活性化状態の免疫細胞等を用いた更なる研究を計画している。