

課題名 (タイトル) :

気分障害に関与する遺伝子の解析

利用者氏名 :

島 康之

理研での所属研究室名 :

BSI・精神疾患動態研究チーム

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
我々のチームは、気分障害（うつ病・双極性障害）の病態メカニズムの解析に取り組んでいる。特に、気分障害に関わる脳回路と、気分障害での遺伝子発現の変化に着目している。本研究では、脳神経回路を構成する細胞の種類（セルタイプ）に着目し、どのセルタイプの、どのような遺伝子発現の変化が気分障害の原因となっているのかを、気分障害モデルマウスを用いて明らかにすることを目的にしている。我々の手法により、既存の方法よりもはるかに解像度の高い遺伝子発現解析を行うことができると期待している。
2. 具体的な利用内容、計算方法
本研究では、セルタイプ特異的に RNA を回収し、次世代シーケンサーを用いて遺伝子発現を解析する。データ解析では、シーケンス反応で得られた大量の配列を、それぞれの遺伝子に対応づける（マッピング）時に大規模な計算が必要とされるため、スーパーコンピューターを用いた高速データ処理を行う。また、他研究機関から発表された論文のシーケンスのデータを独自に再解析することで、我々の結果との比較および検証を行う。
3. 結果
本年度は、他機関から発表されたうつマウスモデルでの大規模遺伝子発現解析、およびヒトうつ患者死後脳からの大規模遺伝子発現解析のデータを公共データベースより入手し、独自に解析を行った。両研究ともに、脳組織から抽出した RNA を用いて遺伝子発現解析を行っているが、対照群とうつ群の間で顕著な遺伝子発現の差は見られなかった。
4. まとめ
既存の手法は、感情障害に関与する遺伝子の発現変化を検出することが困難であることを確認した。セルタイプ特異的な解析を行うことにより、

脳回路特異的な遺伝子発現変化を検出できると期待する。

5. 今後の計画・展望
次年度は独自の遺伝子発現解析を行う。また、単一細胞遺伝子発現解析に取り組み、詳細なセルタイプの分類を試みる予定である。