

プロジェクト名(タイトル):

胸腺上皮細胞のシングルセル解析

利用者氏名:

○秋山 泰身 (1)

理研における所属研究室名:

(1)生命医科学研究センター 免疫恒常性研究チーム

1. 本プロジェクトの研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

獲得免疫応答に重要な T リンパ球(T 細胞)のほとんどはリンパ組織胸腺で産生する。T 細胞が胸腺で分化する際、自己組織に由来する抗原(自己抗原)を認識する T 細胞が、一定の確率で生じるが、健常時には、そのほとんどが胸腺内で除去される。この除去機構の機能が不全になると、自己免疫疾患の発症の原因になることが知られている。

この機構に、胸腺を構成する上皮細胞が重要である。胸腺上皮細胞は、胸腺内局在により、髄質上皮細胞と皮質上皮細胞に分類される。その中で髄質上皮細胞は多様性が高いと考えられており、異なる遺伝子発現プロファイルを持つ複数の細胞の集団である可能性が高い。

2. 具体的な利用内容、計算方法

マウス由来の胸腺上皮細胞を、10x Chromium システムのプロトコールに従い、1細胞ごとバーコードをつけて分離、cDNAを作成する。cDNAを次世代シーケンス解析し得たリードを、FASTQ 形式ファイルとして HOKUSAI に移動させる。またシーケンスデータをマッピングするために、10 x Genomics 社解析ソフト Cell Ranger 5.1.0 Gene Expression をインストールする。超並列演算システムあるいは大容量演算システムを利用して、Cell Ranger 5.0 を実行し、上記 FASTQ ファイル形式の遺伝子リードを、リファレンスマウスゲノム配列 mm10 にマッピングする。続いてバーコード情報に基づき、1細胞ごとの遺伝子発現プロファイルと遺伝子発現量を決定する。

3. 今後の計画・展望

現在、HOKUSAI を用いたマッピングまで至っておらず、今後、サンプルが調製され次第、上記の方法を用いて、マッピングを行う予定である。

4. 利用がなかった場合の理由

本プロジェクトを 2 月に開始しており、現在はサンプル調製の段階であるため、本年度はまだ HOKUSAI を使った計算に至っていない。