

プロジェクト名(タイトル): scRNA-seq による前障の遺伝子発現解析

利用者氏名: ○日野喬央(1)

理研における所属研究室名:

(1)脳神経科学研究センターシステム分子行動学研究チーム

### 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

前障は大脳皮質と線条体の間に位置する、薄いシート状の脳領域である。前障は非常に広範な大脳皮質領野と相互に神経結合しており、その解剖学的な特徴から様々な認知機能との関係が推測されている。しかし前障の生理機能を実験的に示した例はなく、その役割は依然として不明である。私たちの研究グループは前障に特異的に Cre recombinase を発現する遺伝子組み換えマウス系統を作製しており、この系統を使い前障の機能解明を試みている。本プロジェクトでは single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) により、特定の前障ニューロン集団の発現遺伝子の網羅的な解析を行うことを目的とする。

### 2. 具体的な利用内容、計算方法

scRNA-seq 解析において、遺伝子配列情報の解析に HOKUSAI Big Waterfall (HBW) を使用した。解析には、10x chromium による scRNA-seq 出力ファイルの解析用ソフトである cellranger を使用した。

### 3. 結果

HBW 上で cellranger を実行した結果、およそ2時間で解析が終了した。その後の詳細な解析の結果、期待していた前障ニューロンの網羅的な遺伝子発現情報を得ることができた。本年度は計2回この解析を行い、現在データ解析を進めているところである。

### 4. まとめ

前障にはタイプの異なる複数のニューロン集団が存在するが、scRNA-seq によりこれらのニューロンの遺伝子発現パターンの違いが明らかになると期待される。本研究のデータ解析において、HBW を使うことで非常に早くデータ処理を行うことができた。

### 5. 今後の計画・展望

今後は本年度に行った実験で注目した前障ニューロン集団とは異なるニューロン集団に対しても、同様の解析を行う

予定である。