

プロジェクト名(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ック解析

利用者氏名:○吉田 英行(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 免疫遺伝子発現研究YCIラボ

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

免疫システムは病原体に対する防御や、さまざまな疾患からの回復に重要な役割を果たす。しかしながら、免疫システムは時に自己を攻撃し、関節リウマチや1型糖尿病といった自己免疫疾患を惹起させる原因ともなる。生体の健康維持には免疫システムが適切に機能することが肝要であり、病気の予防や治療方法を発展させる上で、免疫システムの理解は重要である。これまでも免疫システムは精力的に研究されてきており、様々な免疫細胞や免疫に関わる液性因子が明らかになってきている。しかしながら、免疫システムは緻密に構成された複雑なシステムであり、いまだ全体像の解明には至っていない。

次世代シーケンシング(NGS)を基にした技術は近年急速に発展してきており、免疫システムの研究を進める上で、NGSを利用した遺伝子発現解析やエピジェネテックス解析等は強力なツールとなりうる。しかしながら、これら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、特に、これまでにない解像度やスケールでの解析を行おうとすれば多大なコンピューターリソースが必要となり、個人のコンピューターレベルでの解析は困難となる。

HOKUSAIを活用することで、NGSデータの解析を迅速かつ高効率に行うことが可能である。本プロジェクトは、NGS解析を活用することで免疫システムの理解を進めるものであり、HOKUSAIの利用が必須と考える。

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HOKUSAI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,STAR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てデータ解析を行った。

3. 結果

昨年度に引き続き、1細胞レベルでの遺伝子発現解析を

積極的に行い、自己免疫寛容の誘導に重要な遺伝子発現や、それをコントロールする転写因子について知見を深めることができた。

4. まとめ

NGS技術を活用した研究にはコンピューターリソースが重要となる。本研究ではNGS解析を多用しており、特に多大なコンピューターリソースが必要となったが、HOKUSAIを活用することで、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できた。

5. 今後の計画・展望

NGS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、有効なツールと考える。現在、1細胞レベルでの遺伝子発現解析を、条件やサンプル数を増やしつつ行っている。今後、さらに包括的な解析を来ない、免疫システムのさらなる理解を目指す。得られた知見については、論文として順次公開していく予定である。