

課題名(タイトル):

Gene expression analysis of the Claustum by scRNA-seq

利用者氏名:

○日野喬央

理研における所属研究室名:

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

前障は大腦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腦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 や tTA テトラサイクリン調節性トランス活性化因子を発現する遺伝子組み換えマウス系統(Cla-Cre マウス、Ccnc3-Cre マウス、Gnb4-tTA マウス)を所有しており、これらの系統を使うことで前障の機能解明を目指している。本プロジェクトでは、およそ1万個の細胞の遺伝子発現を単一細胞レベルで解析することができる 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. 利用がなかった場合の理由

今年度に scRNA-seq 実験を行う計画であったが、実験サンプルの調整が予定通りに進まず、サンプル調整のプロトコルの見直しが必要であった。条件検討の結果、実験に必要な条件を十分に満たしたサンプルを得られるプロトコルを作成し、scRNA-seq 実験を行うことができた。しかし、その後の次世代シーケンシングを年度内に完了することができず、シーケンシングデータの解析を行う用途として HBW2 を利用するに至ることができなかった。

3. 今後の計画・展望

2025 年度に次世代シーケンシングを行う予定であり、そのシーケンシングデータの解析を行うために、HBW2 の利用を計画している。