

バイオデータ駆動型の精神神経疾患研究

～ヒト以外の動物を用いてヒトのこころや病気の個性・多様性を理解する～

情報科学研究科 健康医療科学専攻

○教授 郷 康広
ごう やすひろ

キーワード

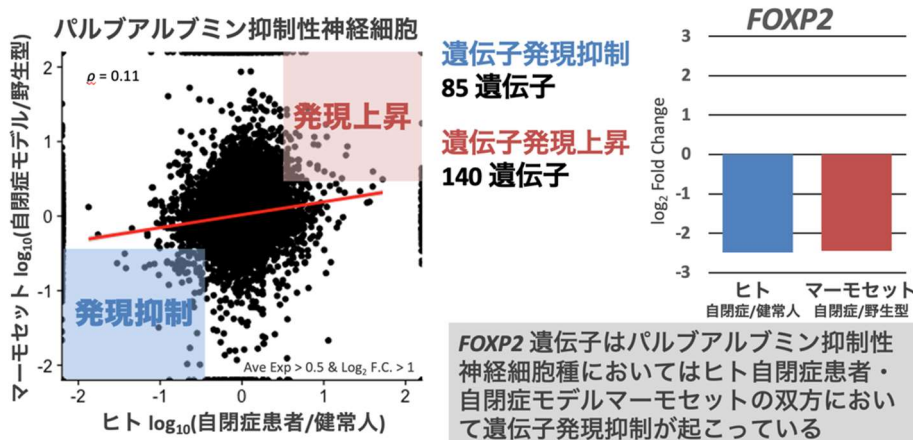
バイオデータ, 生命情報解析, オミックス解析, 精神神経疾患, 発達障害, 脳, こころ, 個性, 多様性, 霊長類



研究概要

ゲノム情報を含めたバイオデータの分子生物学的実験による収集とそれらを用いたデータ駆動型研究（生命情報解析）から脳やこころの個性・多様性がどのように生まれ、また疾患につながるのか？ ゲノムの多様性・遺伝子発現・エピゲノム解析を統合したオミックス解析により理解することを目的に研究に取り組んでいます。研究の一例として、自閉症モデル霊長類であるマーモセットを用いた 1 細胞遺伝子発現解析を紹介します。ヒト自閉症患者と自閉症モデルマーモセットの細胞タイプごとの 1 細胞レベルの遺伝子発現の比較を行った結果、抑制性神経細胞のひとつであるパルブアルブミン神経細胞において、ヒト自閉症患者と自閉症モデルマーモセットの双方において遺伝子発現が上昇あるいは抑制されている多くの遺伝子を同定することができました。その中には、言語遺伝子あるいは自閉症関連遺伝子の *FOXP2* 遺伝子も含まれていました。同様の解析を約 30 種類の脳神経を構成する細胞タイプにおいて行っています。

ヒト自閉症患者と自閉症モデルマーモセットの1細胞遺伝子発現比較



アピールポイント

ヒト疾患病態解明のための動物モデルとしてマウスなどのげっ歯類がよく使われていますが、高次認知機能障害を基盤とする精神疾患や発達障害の分子基盤の解明と治療・創薬研究のためには、ヒトに近縁な霊長類を用いた研究がより好ましいと考えられます。そのため、ヒトと同様に高度の社会性を持ち、高度に発達・機能分化した脳を持つマーモセットを対象とし、脳神経系を構成する多様な細胞タイプごとの分子動態を 1 細胞レベルで明らかにすることで、細胞タイプ特異的な遺伝子治療・核酸創薬が高い精度で可能になると期待されています。今後、さらに多階層のバイオデータの収集・データ駆動型オミックス解析を進め、ターゲット細胞と遺伝子の同定をより精度高く行うことで、疾患治療の現場に貢献するためのトランスレーショナル研究を推進していきたいと考えています。