

平成 29 年度 共同研究報告書

研究区分		一般共同研究
研究課題		ハダカデバネズミを代表とした「非モデル生物」の異種間遺伝子発現比較を実現するためのパイプラインの構築
新規・継続の別		新規 ・ <u>継続</u>
研究代表者	所属	大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
	職名・氏名	特任准教授・坊農秀雅
研究分担者 (適宜行を追加して下さい)	所属	北海道大学 遺伝子病制御研究所
	職名・氏名	准教授・三浦恭子
	所属	北海道大学 遺伝子病制御研究所
	職名・氏名	助教・河村佳見
受け入れ教員	職名・氏名	准教授・三浦恭子
研究目的 (300 字程度)		ハダカデバネズミは、マウスと同等の大きさながら異例の長寿動物(平均生存期間 30 年)であり、未だ腫瘍形成がほとんど確認されていない。このような生物学的特徴から、ハダカデバネズミは癌化・老化耐性動物として世界的に注目を集めている。近年、測定技術の進歩によりハダカデバネズミのような「非モデル生物」の分子生物学的解析が可能になりつつあるが、生物種を超えた遺伝子発現や機能の比較するための画一的な手法は未だ確立されていない。本申請研究では、ハダカデバネズミの各組織および培養細胞のトランスクリプトームについて、非モデル生物の生物学的事象を解明するための、実際の生命現象を反映した異種間比較を可能とするパイプラインの整備を目的とする。
研究内容・成果 (1000 字程度)		昨年度構築した「非モデル生物」の異種間遺伝子発現比較を実現するためのハダカデバネズミの正常組織における遺伝子発現定量解析パイプラインを用いて、今年度は研究分担者の研究室（北海道大学遺伝子病制御研究所動物機能医科学研究室）で蓄えてきたデータのみならず、公共データベースにあるハダカデバネズミやマウスの RNA-seq データに関しても発現定量を行った。 2017 年 7 月 30 日～8 月 3 日の 5 日間に渡って、研究分担者の研究室に滞在した。それは、ハダカデバネズミとマウスを遺伝子発現比較するための基本となる上述のデータ解析パイプラインを同研究室に今年度新たに加わった研究者にも使ってもらうためである。また、開発したパイプラインから得られる大量のデータを自在に利用できるようにするため、必要なコンピュータリテラシーの講習を、今年度新たに加わった同研究室の研究者に対して行った。その結果、研究分担者の研究室において、データ解析パイプラインから得られた遺伝子発現データの比較解析が行えるようになり、さらなるデー

	タ解析の結果いくつかの新規な知見が得られ、新規実験テーマのシードとなった。そういった得られた知見にもとづいて、ハダカデバネズミ、マウスにおけるそれぞれの遺伝子発現情報を解析し、その発現情報を異種間で比較し、差異のある遺伝子として得られたものが、実際の発現量に差があるかどうか定量的 PCR で確認するなどの実験が現在研究分担者の研究室において進行中である。また、この滞在期間中に同研究室を訪れた、岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構の清水厚志特命教授も交えて研究分担者と研究打ち合わせを行った。 2018 年 1 月 24～26 日にかけて再度、研究分担者の研究室に滞在した。前回の滞在からの間に、ハダカデバネズミの新たな遺伝子アノテーションのデータセットが公共データベース(Ensembl)で公開され、異種間遺伝子発現比較を実現するための手法が変更となった。それを使った異種間遺伝子発現比較解析に関して、その利用に関する研究打ち合わせを行った。また、ヒトやマウスにおいて使われるようになってきている新規の RNA-seq 発現定量化ツールに関して、ハダカデバネズミの遺伝子発現定量化解析に導入する試みに関してもその滞在中に同研究室の研究者たちと共同で検討を行った。
成果	【学会報告】 参加者名、講演タイトル、学会名、開催場所、開催日時入力のこと 1. 坊農秀雅、「ハダカデバネズミのトランスクリプトームデータの再解析」、第 76 回日本癌学会学術総会、横浜 2017.9.28-30 2. 坊農秀雅、「Meta-analysis of hypoxic transcriptomes from public databases」、第 15 回がんとハイポキシア研究会、淡路島 2017.11.10-11 【論文発表】 著者、論文名、掲載誌名、号・年・ページ等、IF 入力のこと 該当なし 【新聞報道】 該当なし