

長鎖非コードRNAによる細胞表現型制御(脳、大腸がん) Regulation of Pathology/Cellular Phenotypes by Long Noncoding RNAs (LncRNAs)

梅澤 雅和 Masakazu Umezawa 東京理科大学 先進工学部 機能デザイン工学科 准教授

研究目的

DNAから転写されながらタンパク質に翻訳されない「非コードRNA」の代表例にマイクロRNA(塩基長 約20~25)がありますが、非コードRNAには長鎖(>200塩基)のもの(long noncoding RNA: lncRNA)も活発に転写されています。その発現プロファイルは、DNAマイクロアレイや次世代シークエン サーで取られているものの、研究で解析・考察されていないことがほとんどであり、Xistなど代表的なも のを除きその機能は未解明のままです。我々は、様々な組織や細胞における RNA の発現プロファイルか ら、機械学習および各種統計解析手法を用いて IncRNAs の機能解明に取り組んでいます。

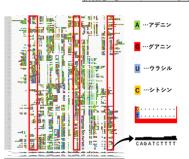
研究概要

RNA発現プロファイルとして、脳内の老廃物除去および血管周囲の微小環境調節に重要な役割を担う領 域(主にアストロサイトおよび血管内皮細胞、他に脳血管周囲マクロファージが存在する)のマウストランス クリプトームデータを用いて、アルツハイマー病に類似の脳内異常構造タンパク質蓄積モデル病変の誘導お よび抑制に寄与する IncRNA のフラグメント配列を見出し、in vivoでの検証を進めています。

他の病変の例として、ヒト大腸がん組織で発現変動する IncRNA 群を見出し、その標的分子を探索して います。大腸がんの悪性化を抑制し得る IncRNA の探索を進めています。

LNP with lincRNA

RNA定量プロファイルデータの機械学習分析による 機能的 IncRNA フラグメント配列の探索



・非コードRNAのうち、「マイクロRNA」(2024

年のノーベル賞受賞テーマ)より長いものに注目

・世界中に未解析・未考察のデータが多量に存在

LNP without lincRNA

病変(例として脳のアストログリオーシ ス)を誘導する長鎖非コードRNAの鍵 となる塩基配列の探索(上)と in vivo実験による実証(右)

・脳、大腸がんの他、脂肪肝のデータを実際に

我々は解析中です。

想定される用途

従来・競合との比較

実用化に向けた課題 核酸医薬の創薬プロセスなど regulation (法規制)への対応は、一研究室の活動では 困難です。核酸医薬の承認など、RNAの生体 適用には支援を必要とするのが課題です。

・LncRNAの生体内での機能検討のための

・機能未知の IncRNAs の機能解明により、 その核酸医薬への応用が期待されます。

生化学的実験手法が極めて限定的でした。 ・我々は機械学習の活用で IncRNA の機能

推定の効率化を行うことができます。

企業へ期待すること

多量の「未解析で未考察」のトランスクリ プトームデータの活用(機械学習を含む)にご 関心のある方々とのコラボレーションを歓迎 いたします。

今後の展開

- ~2026.3 脳血管周囲のアストログリオーシスを 抑制する IncRNA フラグメントの機能特定
- ~2026.12 大腸がんの増殖および悪性化を抑 制する IncRNA の特定と機能推定
- ~2027.3 脂肪肝を改善する lncRNA の特定 と機能推定

■受賞歴 :日本バイオイメージング学会奨励賞 他

■参考資料(日本語解説):





POINT

東京理科大学 產学連携機構

〒162-8601 東京都新宿区神楽坂一丁目3番地 TEL:03-5228-7440 E-MAIL:ura@admin.tus.ac.ip