

研究目的

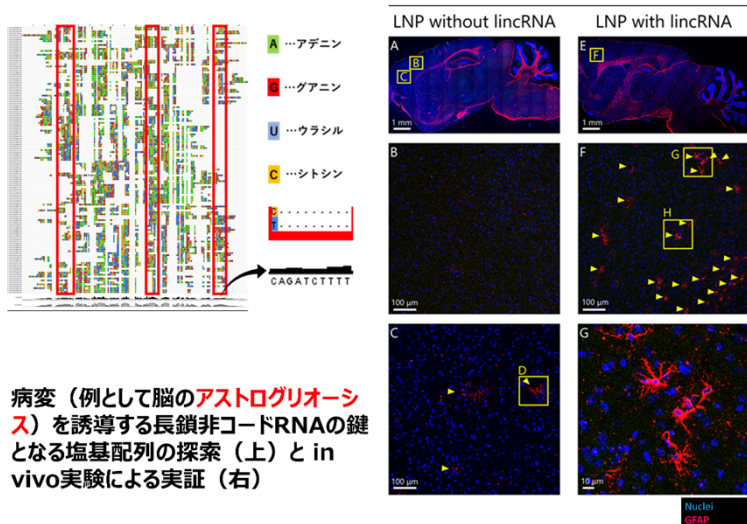
DNAから転写されながらタンパク質に翻訳されない「非コードRNA」の代表例にマイクロRNA(塩基長約20~25)がありますが、非コードRNAには長鎖(>200塩基)のもの (long noncoding RNA: lncRNA) も活発に転写されています。その発現プロファイルは、DNAマイクロアレイや次世代シーケンサーで取られているものの、研究で解析・考察されていないことがほとんどであり、Xistなど代表的なものを除きその機能は未解明のままです。我々は、様々な組織や細胞における RNA の発現プロファイルから、機械学習および各種統計解析手法を用いて lncRNAs の機能解明に取り組んでいます。

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ー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 lncRNA 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 lncRNA 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 lncRNA の探索を進めています。

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 lncRNA フラグメント配列の探索



従来・競合との比較

- ・LncRNAの生体内での機能検討のための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 lncRNA の機能推定の効率化を行うことができます。

想定される用途

- ・機能未知の lncRNAs 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。
- ・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。

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。

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。

POINT

- ・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

今後の展開

- ~2026.3 脳血管周囲のアストログリオシスを抑制する lncRNA 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 lncRNA 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 :日本バイオイメーシング学会奨励賞 他

■参考資料(日本語解説):

