

「統合 1 細胞解析のための革新的技術基盤」
平成 28 年度採択研究者

2018 年度
実績報告書

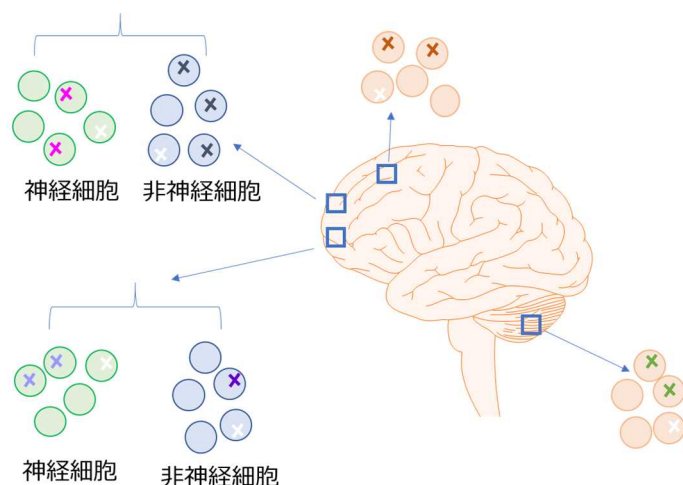
文東 美紀

熊本大学大学院 生命科学研究部
准教授

脳神経細胞分画技術を基盤とした体細胞変異の解析

§ 1. 研究成果の概要

これまで、同一個体内のすべての組織や細胞は、同じ遺伝情報を持つと考えられていた。しかし、脳細胞のゲノムは、一塩基変異染色体、異数性、染色体微小欠失、レトロトランスポゾン挿入などの脳細胞特異的なゲノム変異が存在し、細胞ごとにわずかに異なるゲノム配列を持つことが分かってきた。このような変異は、健常者の脳細胞でも検出されており、変異の場所によっては、精神・神経疾患の原因にもなりうる。本課題では、このような変異を 1 細胞レベルで検出することを目指す。2018 年度は、(1)ヒト脳組織から、神経細胞・オリゴデンドロサイト・マイクログリア・アストロサイトとい



ヒト脳組織は、部位や細胞種によって異なる変異をさまざまな割合で持っている

入が数十ヶ所程度起きていることが示された。

ったさまざまな細胞由来の細胞核を分画する技術の確立、(2)単一神経細胞核からの全ゲノムシーケンスによる体細胞変異の検出、(3)単一細胞核からの、レトロトランスポゾン (LINE-1) 新規挿入ゲノム部位の検出技術の開発を行った。健常者前頭葉を用いて、上記の解析を行ったところ、ヒト脳組織は、脳部位や細胞種により、異なる体細胞一塩基変異 (SNV) を様々な割合で持つことが示された。またそれぞれの細胞ごとに異なるゲノム部位で、LINE-1 新規挿

§ 2. 研究実施体制

- ① 研究者: 文東美紀 (熊本大学生命科学研究部・准教授)
- ② 研究項目
 - ・細胞分画、全ゲノム増幅、次世代シーケンス実験
 - ・研究補助者の統括