

2021 年度
創発的研究支援事業 年次報告書

研究担当者	吉崎 恵悟
研究機関名	九州大学
所属部署名	大学院歯学研究院
役職名	助教
研究課題名	運命決定の“ゆらぎ”を応用した新たな器官再生モデルの開発
研究実施期間	2021 年 4 月 1 日～2022 年 3 月 31 日

研究成果の概要

我々の体を構成する様々な器官は、細胞同士が情報交換することでその形成が厳密に行われており、中でも上皮-間葉相互作用は、細胞間コミュニケーションにより形成される器官の重要な様式であると考えられる。本研究は、歯、肺、唾液腺、毛および腎臓などの上皮-間葉相互作用により形成される器官の運命決定機構を解明することを目的として研究を開始した。

本年度は主に、CAGE 法および scRNA-seq 解析などの網羅的遺伝子解析を行い、データベースを統合することで歯の発生に関わる遺伝子の同定を試みた。scRNA-seq は個々の細胞の遺伝子発現を網羅的に解析できる利点がある反面、サンプルに含まれていない、他の組織との比較は不向きであり、特異的遺伝子の同定は困難であった。一方、CAGE 法によるトランスクリプトーム解析は、public data base が充実しており、他の組織との比較など、特異的遺伝子の抽出に有利である。そこで、マウス生後 1 日齢歯胚を取り出し、CAGE 解析および scRNA-seq 解析を行い、両データを統合することで、新しい遺伝子抽出法の構築を試みた。まず、scRNAseq 解析にて、クラスター分類を行った。その結果、12 個のクラスターに分類でき、それぞれのクラスターは、ameloblast および odontoblast などの、すでに報告されている細胞集団に分類されていた。さらに、それぞれのクラスターに強く発現する遺伝子群を抽出した。次に、得られた CAGE データを ZENBU データベースにアップロードし、scRNA-seq にて抽出したクラスター遺伝子について、データベース上の発生期マウス胎仔との比較を行い、より特異性を持った遺伝子群の同定に成功した。以上のように、2つの網羅的遺伝子解析データを統合することで、これまでに報告されていなかった、歯の発生に関わる新たな遺伝子群の抽出に成功した。本手法を用いることで、器官の運命決定に関わる遺伝子群の同定を目指す。