

様式3

愛媛大学沿岸環境科学研究センター
共同利用・共同研究拠点「化学汚染・沿岸環境研究拠点」
共同研究報告書

平成 年 月 日

化学汚染・沿岸環境研究拠点 拠点長 殿

申請者（研究代表者）飯田 緑

所属機関 九州工業大学情報工学部

職 博士研究員

氏名 飯田 緑

下記の共同研究について、別紙の通り報告します。

1 研究課題

環境毒性学実験に適した RNA-seq データ解析法の作成

2 研究組織

氏名	所属	職	分担研究課題
代表者 飯田 緑	九州工業大学 情報工学部	博士研究員	環境毒性学実験に適した RNA-seq データ解析法の作成
分担者 藤井 聡	九州工業大学 情報工学部	助教	新規 NGS データ解析法の提案
拠点対応教員 岩田 久人	愛媛大学沿岸環境科学研 究センター	教授	

3 研究内容 （別紙）

3 研究内容（別紙）

環境毒性学実験に適した RNA-seq データ解析法の作成

飯田 緑¹、藤井 聡¹、岩田 久人²

¹九州工業大学情報工学部 ²愛媛大学沿岸環境科学研究センター

【研究目的】

本研究の目的は、環境毒性学実験に適した RNA-seq データ解析法を構築することである。

【研究内容】

近年、次世代シーケンサー技術により、多様な生物において遺伝子発現の網羅的解析ができるようになった。しかし、解析方法や解析に使用するデータベースは多様に存在しており、実験系に合わせた解析手法を選択するのは困難である。本研究では、環境毒性学に特化したデータベースを構築し、実験から得られたデータを用いて実際に解析を行い、環境毒性実験に最適なデータの解析法を提案する。

【研究成果】

本研究ではまず、Comparative Toxicogenomics Database (<http://ctdbase.org/>) に登録されている化学物質に関連する遺伝子名・化学物質に関連する病名等を抽出し、実験系で用いた動物種(ラット)だけの環境毒性学データベースを構築した。

次にこのデータベースを用いて、水酸化 PCB (OH-PCB) 投与したラットの肝臓のトランスクリプトーム解析を行った際に対照群と処理群で発現に差があると判定された遺伝子について、化学物質と病名のエンリッチメント解析を行った。

この結果、OH-PCB を処理したラットで発現変動していた遺伝子群は親化合物である PCB の暴露によって発現変動する遺伝子群と類似しており、これらの遺伝子発現が変調することによって肝臓における脂質代謝に影響

響することが示された。これらの結果から、本研究で提案した解析手法は、環境毒性学実験に有用な洞察を与えられると考えられる。

【今後の課題】

本研究では、CTDに登録されているデータのみを用いてエンリッチ解析を行った。今後、GEOからChIP-seqの情報を収集し、発現変動遺伝子上流で働く転写因子群のエンリッチメント解析を行う予定である。