

2016/01/06

株式会社DNAチップ研究所

TEL: 03 (5777) 1700

E-mail: dnachip-support@dna-chip.co.jp

共同研究成果の論文発表のお知らせ

うつ病の病態に関与する複数の遺伝子とそれらの相互作用ネットワークを同定

このたび、株式会社DNAチップ研究所、国立研究開発法人 国立精神・神経医療研究センターの共同研究チームは、うつ病の病態に関与する複数の遺伝子、および、それら遺伝子の相互作用ネットワークを同定し、その研究成果が国際科学論文誌「Scientific Reports」に掲載されましたのでお知らせ致します。

うつ病は遺伝要因と環境要因が複雑に相互作用することで発症する疾患です。本研究では、服薬していないうつ病患者と健常対照者においてマイクロアレイを用いた網羅的遺伝子発現研究を行い、うつ病において発現が変動する遺伝子を同定しました。さらにこれらの発現変動遺伝子に対して詳細なバイオインフォマティクス解析を行い、うつ病の病態に関与する複数の遺伝子とそれらの相互作用ネットワークを見出しました。本成果を応用することで、当社が推進するRNAチェックによるうつ病の客観的な診断方法の確立に繋がるものと期待されます。

題名：

服薬のないうつ病患者に特徴的な血液の遺伝子発現プロファイルの同定：包括的遺伝子およびうつ病候補遺伝子群を活用した解析

Title:

Blood-based gene expression signatures of medication-free outpatients with major depressive disorder: integrative genome-wide and candidate gene analyses.

掲載 URL : <http://www.nature.com/articles/srep18776>

論文概要：

うつ病を対象とした包括的遺伝子発現研究はこれまでにいくらか報告されているものの、その結果は再現性がなく、共通の見解が得られていません。そこで今回我々はうつ病患者の血液で特徴的に発現変動する遺伝子群の分子パスウェイとネットワーク、およびうつ病態との関連が既に示されている既知の候補遺伝子群に注目し、詳細な解析を行ないました。服薬のないうつ病患者14名と、年齢および性別がマッチした健常者14例の計28例より血液を採取し、Agilent社マイクロアレイを用いて包括的な遺伝子発現情報を取得しました。うつ病患者と健常者の遺伝子発現情報を比較することにより、うつ病患者で特徴的に発現変動する317遺伝子を同定し、これら遺伝子群にはシナプス伝達に関わる遺伝子が多数含まれることを見出しました。さらに、タンパク質相互作用ネットワーク解析により、うつ病に関連する幾つかのキー分子を同定しました。これまでに論文報告されている169のうつ病関連候補遺伝子に注目し解析を進めたところ、これら遺伝子群にはうつ病患者と健常者で有意差が認められる遺伝子が多く存在すること、またこれら遺伝子群を用いることでうつ病患者と健常者を一定の精度で分類可能なことを明らかにしました。本研究は、いくつかの遺伝子とそれらの分子ネットワークがうつ病の病態に関与する科学的証拠を示すとともに、これまでに報告されてきたうつ病候補遺伝子群がうつ病研究のための価値のある標的であることを証明しました。

<用語解説>

◇うつ病：持続する抑うつ気分、意欲・興味・精神活動の低下、不眠、食欲の低下などを特徴とした気分障害の一種。日本で治療を受けているうつ病患者数は約100万人存在するとされる（2008年厚生労働省「患者調査」）。

◇分子パスウェイ：生体を維持・活動していくために必要な生命現象を制御している、DNAやRNA、タンパク質などのさまざまな生体分子で形成される生物学的過程・経路。

◇分子ネットワーク：複数の生体分子の相互作用、また量的な相関関係等から構成される相互関係。

◇マイクロアレイ：遺伝子の発現状態を検査するための実験ツールの一種。約3万種類存在するヒトの遺伝子の発現状態を網羅的に検査することができる。

以上