

CAMD 報告会

(Center for Development of Advanced Medicine for Dementia)

遺伝子ネットワークの変化から アルツハイマー病発症機序を読み解く

アルツハイマー病研究部 発症機序解析研究室

飯島 浩一 室長

平成28年5月12日(木) 16時00分～

第1研究棟2階大会議室

アルツハイマー病 (AD) は老年性認知症の最大の原因であり、脳の広範な領域で神経細胞が脱落する進行性の神経変性疾患である。脳内に蓄積した $A\beta$ が慢性的なストレス源となり、数十年をかけて神経炎症や神経原線維変化、さらには神経細胞死を引き起こし、AD 発症に到ると考えられている。しかし一方で、脳内に $A\beta$ が蓄積しているにも関わらず、AD を発症せずに一生を全うできる人も存在する。この事実は、 $A\beta$ 蓄積に起因するストレスへの脆弱性、あるいは耐性の違いが AD 発症に関与している可能性を示唆している。従って、AD 患者脳内における神経細胞死の過程や、それに対する防御機構といったアルツハイマー病発症機序の本質を遺伝子レベルで明らかに出来れば、新たな AD 危険因子の同定や、症状の進行を阻止する治療薬標的の発見に繋がる可能性がある。近年、網羅的なゲノム解析と遺伝子発現解析が可能となり、AD をはじめとした多因子性疾患の複雑な病態進行の過程を、遺伝子ネットワークの変化として再構築する様々な試みがなされている。本報告会では、当研究室が国際共同研究として進めている、システム生物学と病態モデル動物を駆使した、AD 発症機序解明と AD 発症への感受性に関わる新規遺伝子群同定の試みを紹介し、近未来の創薬標的について議論したい。