

CAMD 報告会

(Center for Development of Advanced Medicine for Dementia)

アルツハイマー病発症機序を 遺伝子ネットワークから読み解く

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29年5月11日(木) 16時00分～
第1研究棟2階大会議室

老年性認知症の最大の原因であるアルツハイマー病 (AD) は、数十年をかけて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。加齢に伴い大脳皮質に蓄積した A β が、慢性的な神経炎症、タウタンパク質蓄積の増悪化、さらには神経細胞死を惹起することで AD 発症に到ると考えられている。従って、A β 蓄積から神経細胞死に至る過程を明らかにすることは、AD の未知の危険因子の発見、さらに症状の進行に介入する新たな治療薬標的の同定につながると考えられる。

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病態進行の過程が遺伝子レベルで記述され、その一部は世界中の研究者に公開されている。これらの膨大な遺伝子情報を正確に読み解くことができれば、AD の複雑な発症機序を遺伝子ネットワークの変化として再構築し、さらに AD 発症機序の鍵をにぎる、また AD 発症への感受性に関わる分子基盤を明らかにできる可能性がある。

本報告会では、当研究室が国際共同研究で進めている、システム生物学と病態モデル動物を駆使して、患者脳由来の遺伝子ネットワークから AD 発症機序を読み解こうとする試みを紹介する。また、近年同定された AD リスク遺伝子 TREM2 (Triggering Receptor Expressed On Myeloid Cells 2) が、AD 発症機序において果たす役割についても議論したい。