

マイクロ RNA のパスウェイ解析システムの開発

樋口千洋^{†1} 田口善弘^{†2}

概要: マイクロ RNA(miRNA)は生体内に内在する 22-24 塩基程度の短鎖塩基であり、生命活動における様々な調節作用における重要な役割を担っている。さらに miRNA はがん細胞の可塑性にも寄与することが近年明らかになり、生命活動解明における miRNA の発現変動研究は重要性を増している。次世代シーケンサーをはじめとする近代の計測機器は大量の miRNA 発現情報データを生成するが、得られた情報から疾患へのパスウェイを推定する方法が、メッセンジャーRNA(mRNA)のそれに比べて十分に確立されておらず、これが miRNA 研究のひとつのネックであると考えている。また、こうした解析支援システムを一般の研究者が簡便に利用できる環境の提供が同時に求められている。今回、田口らが開発した MiRaGE 法[1]を用い、公共の豊富な mRNA の発現情報データから miRNA の変動を逆推定することにより、miRNA のパスウェイ解析を mRNA のパスウェイ解析問題に帰着させることを試みた。mRNA の発現情報データとしては、Cancer Cell line Encyclopedia [2] (GSE36133)や Open TG-GATEs[3]などを用いた。ここでは途中経過として、公共の mRNA 発現変動データから推定された miRNA のそれについての合理性を報告する。

キーワード: マイクロ RNA、MiRaGE 法、パスウェイ解析システム、Cancer Cell line Encyclopedia、Open TG-GATEs

Development of micro RNA pathway analysis system

Chihiro Higuchi^{†1} Y-h. Taguchi^{†2}

Abstract: Micro RNA (miRNA) is a sort-chain RNA which is consist of 22-24 base in body. It plays an important role in various regulatory actions in life activities. Furthermore, it also became apparent in recent years that it also contributes to the plasticity of cancer cells. So that, the expression studies of miRNA are increasingly important. Although, a large amount of data is generated using the latest measurement instrument such as NGS, a method is not established to estimate a suitable biological pathway related to a disease from miRNA signature compared with that of mRNA and it becomes a bottleneck for miRNA study. In addition, it is desired that such a biological pathway analysis software is widely and conveniently used for 'wet' researcher. In this study, we attempted to miRNA pathway analysis to mRNA pathway analysis problem to estimate expression of miRNA from that of mRNA using MiRaGE method [1]. As public data, we selected datasets named 'Cancer Cell line Encyclopedia [2]' (GSE36133) and 'Open TG-GATEs [3]' and so on. We discuss about a rationality of estimated expression of miRNA.

Keywords: Micro RNA, MiRaGE method, Pathway analysis system, Cancer cell line encyclopedia, Open TG-GATEs

- 1 Yoshizawa M, Taguchi YH, Yasuda J. Inference of gene regulation via miRNAs during ES cell differentiation using MiRaGE method. *Int J Mol Sci.* 2011;12(12):9265-76.
- 2 <https://portals.broadinstitute.org/ccle/>
- 3 <http://toxico.nibiohn.go.jp/>

^{†1} 国立研究開発法人 医薬基盤・健康・栄養研究所
National Institutes of Biomedical Innovation, Health and Nutrition
^{†2} 中央大学 理工学部 物理学科
Dept. Phys., Chuo University