「情動系神経情報基盤構築のための計算論的手法および実験動物の開発」

Developments of computational methods and model animals to establish bioinformatics for brain sciences for elucidating the mechanism in emotional systems





石 井 信

京都大学大学院情報学研究科 システム科学専攻 論理生命 学分野 教授,博士(工学)

1986 年東京大学工学部卒業。1988 年東京大学大学院工学系研究科修士課程修了。博士(工学)。(株)リコー中央研究所,ATR 人間情報通信研究所,奈良先端科学技術大学院大学助教授,同教授を経て,2007年より現職。

ISHII, Shin, PhD

Professor, Department of Systems Science, Graduate School of Informatics, Kyoto University

1986 Graduated from University of Tokyo. 1988 Ph.D. degree in mathematical engineering, from University of Tokyo. 1988 R & D Center, Ricoh Co., Ltd, 1994 ATR Human Information Processing Research Laboratories, 1997 Associate professor in Nara Institute of Science and Technology, 2001 Professor, and was transferred to the current position in 2007.

■研究内容

情動系は動物の生存にとって最重要システムであり、 そこでの可塑的変化は動物の環境適応に必須である。 これまで、大脳基底核を中心とする報酬系が条件付け 学習あるいは強化学習を行っているとの仮説に基づき, 基底核回路及び基底核中型有棘細胞内分子ネット ワークの理解が進んだ。また近年の発生学的研究によ り, 扁桃体の基底部・外側部は大脳皮質と, 中心核は 基底核と相同な組織であることが示唆されている。そこ で、恐怖条件付けの責任部位である扁桃体回路での 学習機構に関して,分子から回路に至る多階層モデ ルの構築を進めつつ, 扁桃体回路と細胞内分子ネット ワークの役割を明らかにするための計算論的研究を 実施する。また、それを支えるバイオインフォマティクス ツールの開発,特に,細胞活性に基づき回路同定を 行う統計的手法, 側坐核や扁桃体における細胞局所 領域の変化が追える高精細画像処理法, リン酸化プロ テオミクスデータベースと連動する分子シミュレーショ ンプラットフォームの構築を進める。実験系研究からの データを統合し再現することで,情動系回路の作動原 理の情報学的解明を目指す。

Research works

Emotional systems are crucial for animals' survival, and their plastic phenomena are essential for animals to adapt to changing environments. So far, understanding computational mechanisms in basal ganglia (BG) circuits has been accelerated under the hypothesis that the BG system is involved in instrumental conditioning and reinforcement learning. Recent studies have suggested that in the amygdala circuit, the basal-lateral and central nuclei could functionally correspond to the cerebral cortex and basal ganglia, respectively. Based on backgrounds, we aim to construct a hierarchical model from molecules to circuits of the amygdala, which is a responsible region for fear conditioning and its extinction; such a hierarchical model would clarify the computational roles of the constituents there and become the important step to fully elucidate the mechanism of the animal's whole emotional system. For this purpose, we also perform bioinformatics studies to seamlessly incorporate neuroscience data into the hierarchical model; they are circuit identification method from electrophysiological data, high-resolution imaging methods which can observe local changes of spiny neurons in nucleus accumbens and central amygdala, and a biochemical simulation platform collaborating with the proteomic database.

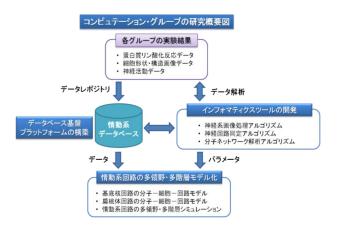


図:コンピュテーショングループの研究概要

Fig. The research scheme of the computation group.