

トランスクリプトミクス分野

Division of Transcriptomics

教授

大川 恭行

Professor : Yasuyuki Ohkawa, Ph.D.

E-mail : yohkawa@bioreg.kyushu-u.ac.jp

Profile

- 岡山大学工学部卒業、大阪大学大学院医学系研究科修了
- 2003年、マサチューセッツ大学医学部・ポスドク
- 2006年、九州大学医学研究院・特任准教授 (SSP学術研究員)
- 2011年、九州大学医学研究院・准教授
- 2013年、文部科学大臣表彰若手科学者賞受賞
- 2016年、九州大学生体防御医学研究所トランスクリプトミクス分野・教授



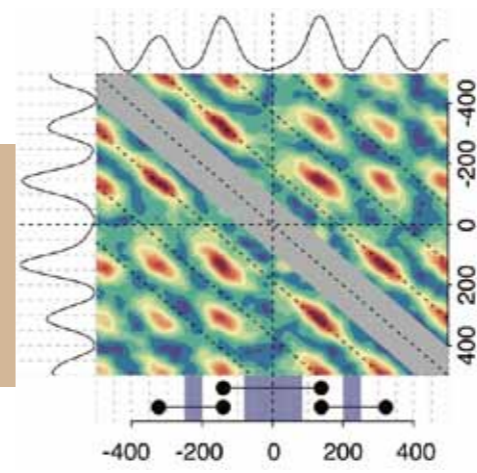
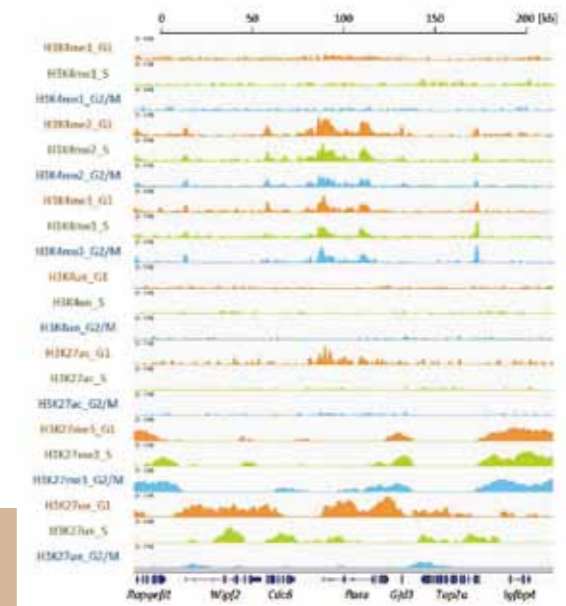
網羅的解析手法を用いて、クロマチン構造が規定する遺伝子の選択過程を解明する。

Research Projects

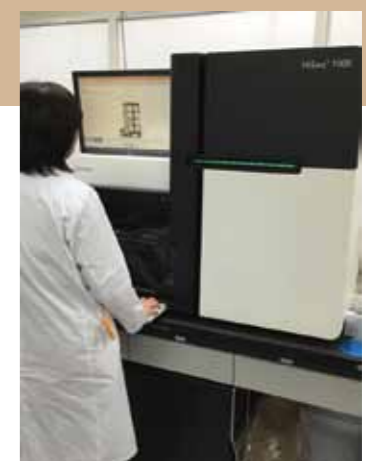
It has been suggested that the human body comprises more than 200 kinds of cells, totaling over 60 trillion cells. However, all cells have the same genome containing the same gene set; therefore, it is unclear how cells express genes selectively to gain a specific function in different tissues. After completing the human genome project, major technical advances, such as deep sequencing, have enabled the analysis of selective gene expression on a genome-wide scale. Currently, the identification of all genes that are utilized on the genome in each cell in the human body has become a realistic target, which can be determined by analyzing transcripts and their regulatory mechanisms in each cell or in a small number of cells in all tissues. Such studies would be expected to reveal the fundamental role of selective gene expression in differentiation and development. Our laboratory has attempted to understand how transcription is regulated on the chromatin, which is initiated from transcription factor binding to promoters loaded with RNA polymerase II. Recently, we have focused on understanding the specific pattern of chromatin features, termed the "chromatin code", which includes histone codes (histone modifications), histone barcodes (selective incorporation of histone variants), structural codes (nucleosome positioning), and spatial codes (three-dimensional positioning of gene loci in nuclei). We have analyzed these chromatin codes by laboratory experiments and in silico, using biochemical, computational biology, and statistical approaches.

Major Recent Publications:

1. Ueda J., Harada A., Urahama T., et al. Testis-Specific Histone Variant H3t Gene is Essential for Entry into Spermatogenesis. *Cell. Rep.* 18 (3):593-600, 2017.
2. Hayashi M., Maehara K., Harada A., et al. Chd5 Regulates MuERV - L/MERVL Expression in Mouse Embryonic Stem Cells Via H3K27me3 Modification and Histone H3. 1/H3. 2. *J. Cell. Biochem.* 117: 780-92, 2016.
3. Kuniyoshi Y., Maehara K., Iwasaki M., et al. Identification of Immunoglobulin Gene Sequences from a Small Read Number of mRNA-Seq Using Hybridomas. *PLoS One* 11:e0165473, 2016. (Patent Granted)
4. Kujirai T., Horikoshi N., Maehara K., et al. Structure and function of human histone H3. Y nucleosome *Nucl. Acids Res.* 43:775-86, 2016.



スケールの大きな研究で、技術とサイエンスを共に高める



Teaching Staff



助教 原田 哲仁

Assistant Professor : Akihito Harada, Ph.D.



助教 前原 一満

Assistant Professor : Kazumitsu Maehara, Ph.D.

研究概要

人体は200種類以上、約37兆個の細胞で形成される。細胞は、同一のゲノムより、選択的な遺伝子発現が行われることで、固有の機能を獲得し組織を形成する。ヒトゲノムプロジェクトは、ゲノム上の全塩基配列を決定し、細胞を形成する全遺伝子解析の道を拓いた。しかし、人体を構成する細胞の種類は未だ明らかでなく、ゲノム上に存在する全遺伝子の位置や数は不明なままである。近年の高速シーケンサー技術の進展により、少数細胞を用いて数万にも及ぶ全遺伝子の転写産物、転写制御機構を網羅的に行うことが可能となった。人体を構成する全ての細胞を対象に、あらゆる遺伝子発現を解析することで、人体に存在する細胞の種類、さらに、個々の細胞において、特定の遺伝子が選択され、組織特異的な細胞を形成する発生および分化のメカニズムの解明が期待できる。遺伝子発現制御を理解するには、核内でクロマチン構造上に存在する遺伝子が、転写因子の結合を起点として、

転写される一連の過程を解析する必要がある。本分野では、高速シーケンサー技術を駆使して網羅的解析を進めている。現在は、特に、骨格筋分化を制御するクロマチン構造パターン(クロマチンコード)に注目している。クロマチンコードには、クロマチン構造を形成するヒストンの種類の選択(ヒストンバーコード)、ヒストン修飾(ヒストンコード)に加え、ヌクレオソームの配置から、遺伝子の3次元的な配置に至る多様なパターンが存在する。クロマチン免疫沈降法による転写産物の定性、定量解析、大規模情報解析に至る様々なトランスクリプトミクス解析を組み合わせることで、パターン形成とパターン認識を両面から解析するアプローチを進めている。