

情報生物学分野

Division of Bioinformatics

教授
須山 幹太

Professor : Mikita Suyama, Ph.D.

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



Profile

- 東京農工大学農学部卒業、京都大学大学院農学研究科修了
- 1995年、生物分子工学研究所・博士研究員
- 1998年、かずさDNA研究所・博士研究員
- 1999年、ヨーロッパ分子生物学研究所・博士研究員
- 2007年、京都大学大学院医学研究科ゲノム情報科学部門・准教授
- 2011年、DNA Research誌・編集委員
- 2012年、九州大学生体防御医学研究所情報生物学分野・教授

コンピュータを駆使し、ゲノムに刻まれた情報を読み解く

■研究概要

様々な哺乳類や脊椎動物のゲノム配列が決定されており、それらの情報をもとにした比較ゲノム解析により、ゲノムの構造変化や機能部位を予測することが可能になってきた。本分野では、バイオインフォマティクスの手法を用いて、比較ゲノム解析・比較エピゲノム解析により、遺伝子の発現制御についての知見を得ることを目的としている。さらに、発現制御因子の変異によって引き起こされる疾患について、その発症機序解明への応用を目指している。具体的な解析内容は、(1)転写因子結合部位やスプライシング制御因子などの調節因子配列の同定や、それらの変異による疾患発症機構の解明、(2)大規模がんゲノムデータの解析によるがんの発症や進行・転移機構の解明、(3)疾患モデル動物のゲノム解析、(4)染色体の立体構造に基づく遺伝子制御機構の解析、などである。近年の実験技術の進歩に伴い、マイクロアレイや次世代シーケンサーなどのゲノムスケールのハイスループット解析が行われるようになっており、それには計算機によるデータ解析が必須である。ゲノム配列情報だけでなく、そのようなハイスループット解析から得られるデータも積極的に活用することが、ゲノムが有する機能を深く理解する上で重要であると考えて

いる。特に、国際コンソーシアムが提供しているエピゲノムに関するデータやがんゲノムのデータ、さらにシングルセルのトランスクリプトームに関するデータなどが急速に蓄積しており、それらの網羅的なデータ解析から、新たな生物学的知見を得ることを目指している。

このように、解析技術の進歩に伴ったデータの増加が著しい現在、実験系研究者においてもバイオインフォマティクス解析は必須の手法であるといえる。そのため、実験系研究者がゲノム情報や実験から得られたハイスループットなデータを有効に活用するための教育および技術支援もおこなう。このような高度な解析・研究にはバイオインフォマティクスの専門家と実験系研究者との間の互いのフィードバック、すなわち作業仮説の立案とその実験的検証の循環、が不可欠である。そのため、実験系研究者との共同研究を積極的に推し進めることで、分子医学に関するより深い知見を得ることを目指す。

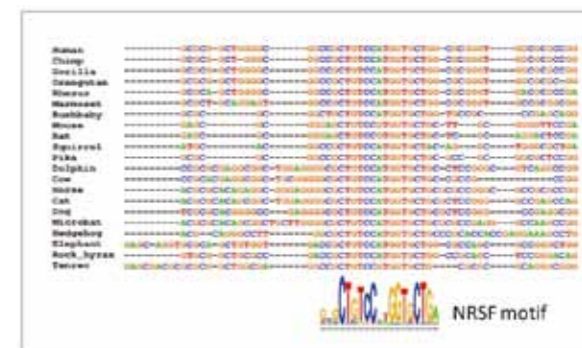
■Research Projects

Today, more than 50 genomic sequences of various vertebrates are available, and comparative genome analyses are necessary to understand the changes in genomic structures and to identify functional regions. The main focus of our group is to get deep insights into the regulation of gene expression, which may cause some diseases, by using bioinformatics means applied to genomic and epigenomic data. The current research topics are (1) identification of cis-regulatory elements for transcription and splicing, (2) analysis of cancer genomic data to understand molecular mechanisms in cancer, (3) genome analysis of model animals for human diseases, and (4) analyses of gene regulation mechanisms based on the three-dimensional conformation of chromosomes. With the progress of high-throughput analyses, such as microarrays and next-generation sequence technologies, interpretation of the data is not possible without computational analyses. We will incorporate such heterogeneous data together with the sequence data into the genome-wide functional analyses.

Massive data analysis is not only for bioinformaticians, but the researchers working at the bench are also required to master to use some basic tools and databases. To support those researchers, we provide them with the bioinformatics expertise necessary for the genome sequence analyses and the high-throughput data analyses. An interactive process between experimental molecular biologists and bioinformaticians is necessary to fully facilitate genomic data and high-throughput data. Such process includes feedback-loop between hypothesis making and experimental verification. Therefore, we will also actively collaborate with the experimental researchers in the field of molecular medicine.

■Major Recent Publications:

1. Kim H., Suyama M. Genome-wide identification of copy neutral loss of heterozygosity reveals its possible association with spatial positioning of chromosomes. *Hum. Mol. Genet.* 32: 1175-83, 2023.
2. Qu Z., Sakaguchi N., Kikutake C., et al. Genome-wide identification of exon extension/shrinkage events induced by splice-site-creating mutations. *RNA Biol.* 19: 1143-52, 2022.
3. Kikutake C., Suyama M. Pan-cancer analysis of mutations in open chromatin regions and their possible association with cancer pathogenesis. *Cancer Med.* 11: 3902-16, 2022.
4. Sakaguchi N., Suyama M. Pervasive occurrence of splice-site-creating mutations and their possible involvement in genetic disorders. *NPJ Genomic Med.* 7: 22, 2022.



その人でなければできないと言われるような、一流の技術とセンスを持った研究者の育成を目指します

Teaching Staff



助教
菊竹 智恵

Assistant Professor :
Chie Kikutake, Ph.D.