



ゲノム・エピゲノム研究拠点形成

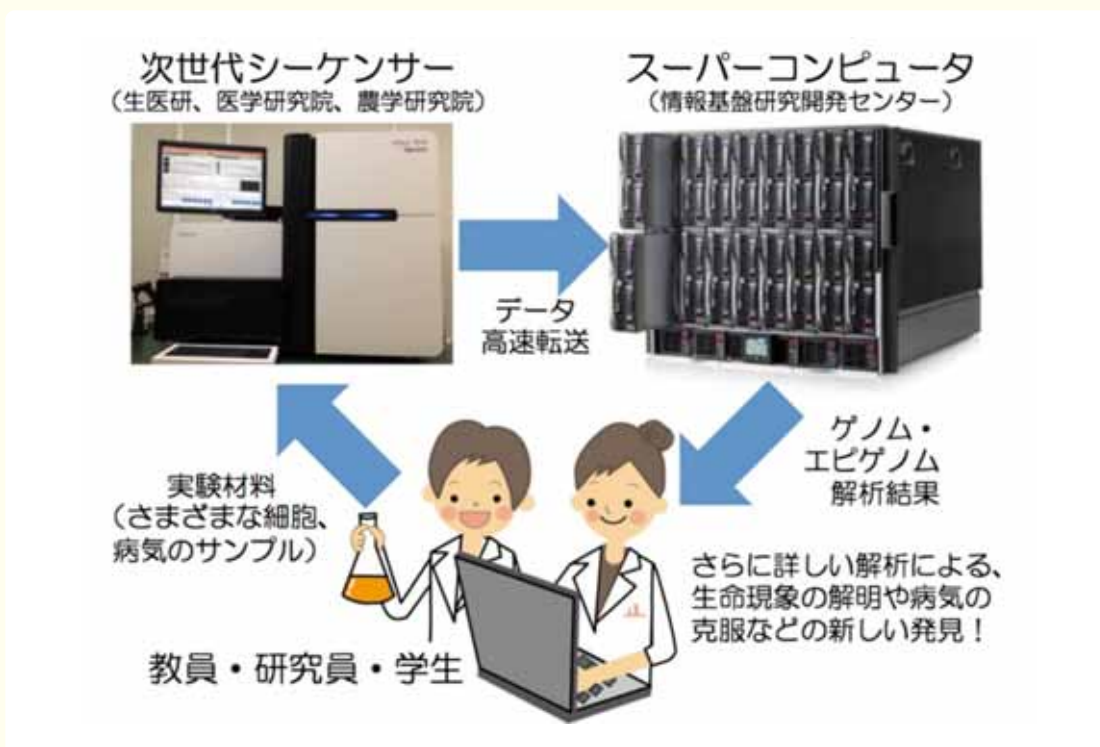
研究代表者 佐々木 裕之 (生体防御医学研究所 教授)

■ 研究の目的と内容

さまざまな病気の克服、生命現象の解明には、生命の設計図である「ゲノム」と、その働きを調節する化学修飾（メチル化、アセチル化など）を知ることが重要です。そのようなゲノムの化学修飾を総合して「エピゲノム」とよびます。エピゲノムは細胞の分化状態や環境に応じて変化し、がんや幹細胞も特有のエピゲノムをもっています。この研究では、次世代シーケンサーとよばれる最新の装置によって得られる大量のゲノム・エピゲノム情報を解析する研究拠点を確立するため、

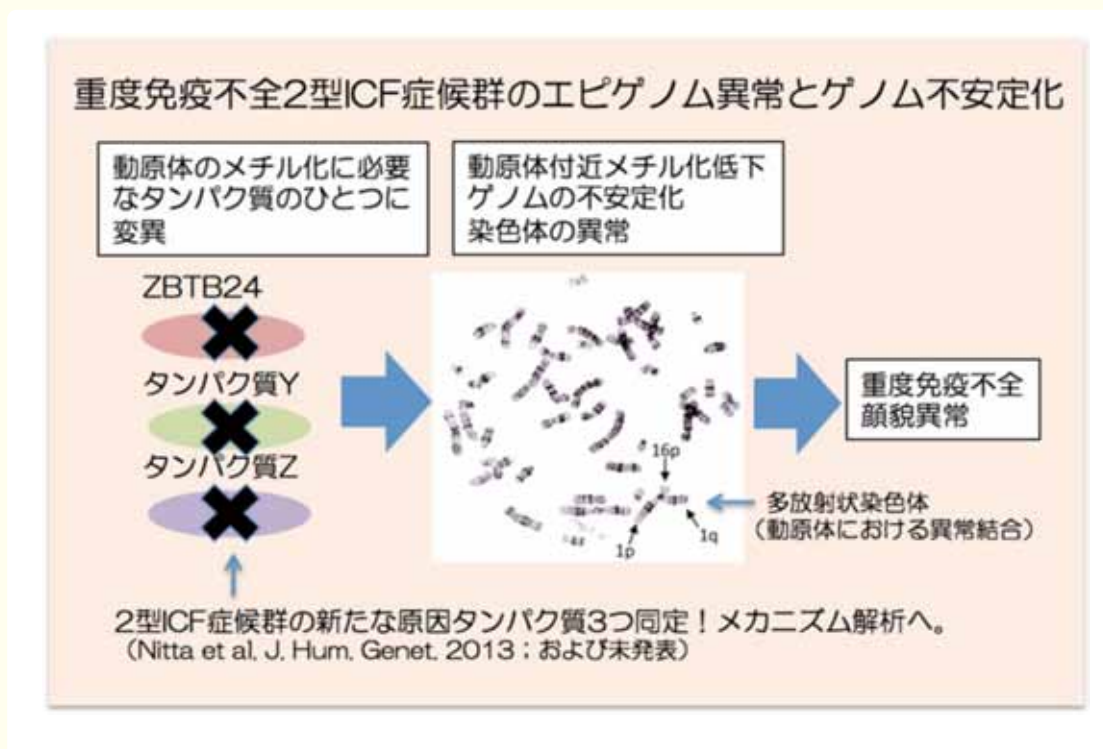
- 1) 次世代シーケンサーとスーパーコンピュータを直結して研究者が使いやすく開放的な解析パイプラインを構築し、
- 2) それを駆使して「ゲノムの安定性と多様性に寄与するエピゲノムの調節機構」に関する研究を推進し、
- 3) 九州大学の多くの研究者にシステムを開放して、さまざまな共同研究を行いました。

将来は社会のニーズに応える拠点へと発展させたいと考えています。



■ 研究の成果（その1）

生物のゲノム（遺伝情報）は通常たいへん安定に維持されており、これに変化（置換、欠失、組換えなど）が生じるとがんをはじめとするさまざまな病気になります。一方、無害なゲノムの変化は個性・多様性のもとであり、長期的には生物進化の原動力でもあります。私たちは、教育研究プログラム・研究拠点形成プロジェクトにより構築した解析パイプラインを利用して、ゲノムの安定性・多様性とエピゲノム修飾との関係について研究を行いました。その結果、ZBTB24 ほか合計 3 つのタンパク質がヒト染色体の動原体という部分のエピゲノム修飾（メチル化）に必要であり、これらのタンパク質に異常があるとゲノムが不安定化し、重度免疫不全（2 型 ICF 症候群）を発症することを見つけました。この成果をもとに、なぜエピゲノム異常がゲノムの不安定化を招くのか、どのようなメカニズムでエピゲノム修飾が調節されるのか、を明らかにしたいと考えています。



■ 研究の成果（その2）

わたくしたちは、ヒトやさまざまな生物のゲノム・エピゲノム情報を取得・解析し、病気の克服、生命現象の解明、生物の産業応用へ生かしたいと考えています。そのため、教育研究プログラム・研究拠点形成プロジェクトにより構築した解析パイプラインを開放し、学内の多くの教員の方々と共同研究を実施しました。共同研究提案は学内公募し、採択された研究課題に対しては経費支援を行いました。その結果、H23～H25の3年間で合計15件の共同研究を実施することができました。共同研究課題の中にはたいへん特色のあるものが多数あり、たとえば、岩永貞昭名誉教授（理学研究院）、田代康介准教授（農学研究院）らはカブトガニの全ゲノム解読を実施しました。カブトガニは2億年前からほとんど進化していないと考えられ、生物ゲノムの多様性と進化を研究する上で貴重な情報を提供すると考えられます。また、河原林裕教授（農学研究院）はセイタカイソギンチャクおよびそれに共生する微生物のゲノム解読を実施し、季節・生息地による共生微生物の変動を明らかにすることを目指しています。これは、サンゴの白化現象の解明にも結びつく研究です。





Research Hub Formation for Genomics and Epigenomics in Kyushu University

Project manager: Hiroyuki Sasaki
(Medical Institute of Bioregulation, Professor)

Expression of the genome, which comprises both genes and non-coding sequences, is controlled by the epigenome, which comprises all epigenetic modifications (eg. methylation, acetylation) of the genome and its associated proteins. The epigenome of a cell is influenced by the cell's differentiation state and/or environment, and understanding of many biological processes, including tumorigenesis and reprogramming, requires large-scale studies of the genome and epigenome. The large-scale analysis technologies have now been developed by use of the next generation DNA sequencers. To establish a research hub for genomic and epigenomic studies in Kyushu University, we performed the following in this Program & Project. (1) We have constructed a pipeline for large-scale genomic and epigenomic data analysis, (2) elucidated the role of epigenomic regulation in genomic stability and variability, and (3) supported and promoted a total of fifteen collaborative research works proposed by laboratories inside Kyushu University. We hope that these studies will eventually contribute to overcoming intractable diseases, clarifying various biological phenomena, and creating new biological tools useful for the industry and society.