

エピジェネティクスの制御と生命機能

<http://www.epigenetics.jst.go.jp>



研究総括
向井 常博

佐賀大学 名誉教授

●研究領域の概要

本研究領域は、エピジェネティクスの制御と生命機能の解明という視点をもった研究を対象とします。より詳しくは、エピジェネティクスの制御機構の解明、様々な生命現象とエピジェネティクスの関わり、エピジェネティクスの多様性や異常がかかわる疾患の解析を対象とします。それらの研究を通してエピジェネティクスの生命機能としての分子基盤を明らかにする事で、細胞リプログラミングに立脚した幹細胞作製・制御による革新的医療基盤技術の創出を目指します。

具体的な研究内容としては、1) 動植物を問わずさまざまなモデル生物を用いてエピジェネティクスの制御機構をいろいろな角度から追求し、明らかにする、2) エピジェネティクスの個体差・多様性を探るとともに、エピジェネティクスの異常にもとづく疾患の解析を行なう、3) エピジェネティクスの解析や制御に資する技術の開発を行う、といった課題が考えられます。

●領域アドバイザー

牛島 俊和
国立がん研究センター研究所 上席副所長

角谷 徹仁
国立遺伝学研究所総合遺伝研究系 教授

金児一石野 知子
東海大学健康科学部 教授

古関 明彦
理化学研究所免疫アレルギー科学総合研究センター グループディレクター

佐々木 裕之
九州大学生体防御医学研究所 教授

白髭 克彦
東京大学分子細胞生物学研究所 教授

眞貝 洋一
京都大学ウイルス研究所 教授

田嶋 正二
大阪大学蛋白質研究所エピジェネティクス研究室 教授

中西 理
武田薬品工業(株)医薬研究本部 癌創薬ユニット ユニット長

広瀬 進
国立遺伝学研究所 名誉教授

5年 ヒストンH3K36メチル化酵素WHSC1による核構造体を介した新規転写制御機構の解明

浦 聖恵 大阪大学大学院医学系研究科 准教授 同上 助教

染色体を構成するヒストンのメチル化酵素WHSC1は、様々な転写制御因子と協調して遺伝子発現を制御し、その異常はヒト4番染色体欠損による4p-症候群を引き起こします。本研究では疾患モデルマウスなどを用いてWhsc1の機能解析を行い、転写制御因子と細胞核構造を機能的に結びつけたヒストン修飾による普遍的な遺伝子発現調節機構を解明することを目指します。さらに転写異常疾患の発症機構や個人差、細胞未分化性の問題をヒストン修飾制御から明らかにします。



DNAメチル化・脱メチル化によるエピジェネティック制御の分子基盤

有吉眞理子 科学技術振興機構 さきがけ研究者 京都市立大学工学研究科 助教

本研究では、構造生物学的手法を用いた多角的なアプローチにより、発生・分化、癌化やiPS細胞作成時のリプログラミングの過程において重要な役割を担うDNA脱メチル化の分子基盤を明らかにします。X線構造解析による原子レベルでの知見とクロマチン再構成系、磁気共鳴測定法を用いたタンパク質の動的挙動解析により、DNA脱メチル化因子のクロマチン上での機能発現機構を探究します。得られた構造基盤に基づいて人為的に細胞内のDNA脱メチル化制御法の可能性を探究します。



精子細胞の分化・成熟過程におけるヒストン修飾の重要性の解明

岡田由紀 東京大学分子細胞生物学研究所 特任准教授 京都市立大学生命科学系キャリア形成ユニット 特定助教

近年急速に需要が高まっている幹細胞研究およびその応用技術開発の一環として、本研究では、精子幹細胞と成熟精子におけるヒストン修飾を中心としたエピジェネティック調節機構を、高速シーケンサー等を用いた網羅的解析によって検討します。本研究成果は将来的に、生殖工学や不妊治療等への応用に有用な基礎的知見を提供できると期待されます。



化学基盤高性能DNAメチル化可視化系の確立

岡本晃充 東京大学大学院工学研究科 教授 理化学研究所岡本独立主幹研究ユニット 独立主幹研究員

エピジェネティクスの異常に基づく疾患の解析を効率的・定量的に行うための、DNAメチル化のイメージング解析に資する技術の開発を行います。ここでは、DNAメチル化部位を配列選択的に可視化する系を化学的に構築します。研究者が有する化学的知見に立脚して、任意のDNAメチル化領域を*in vitro*系、*in vivo*系で蛍光イメージングする手法にまで展開し、エピジェネティクス研究のブレークスルーをもたらす技術を開発します。



エピジェネティックな遺伝子発現切り替わりメカニズムの解明

沖 昌也 福井大学大学院工学研究科 准教授 同上

酵母をモデル生物として用い、同じDNA配列を持っているにも関わらず分裂を繰り返すと遺伝子の発現状態が変化する領域を見いだしました。この領域に蛍光タンパク質EGFPを挿入し、単一細胞における遺伝子発現切り替わりの状態を観察した結果、数世代維持された後に切り替わり、再び数世代維持された後に切り替わることを明らかにしました。本研究では、このエピジェネティックな現象についての分子レベルでのメカニズム解明を目指します。



ヘテロクロマチン確立メカニズムの解明

加藤太陽 島根大学医学部 助教 同上

細胞のエピジェネティクス制御を臨床応用するためには、遺伝子の活性化だけでなく不活性化の分子機構を理解しなければなりません。なかでも、特定遺伝子座を特異的に不活性化することで細胞のアイデンティティーに貢献するヘテロクロマチンの理解は非常に重要です。本研究は遺伝学的解析に有利なモデル生物である分裂酵母を実験材料として用い、遺伝子座特異的に遺伝子の不活性化状態を確立する分子機構の解明を目指します。



細胞老化のエピジェネティクスとその破綻による発癌機構

金田篤志 東京大学先端科学技術研究センター 特任准教授 同上

正常細胞は、癌遺伝子が活性化すると癌化を防ぐために細胞増殖を永久に停止する「細胞老化」というしくみを持っています。本研究では、細胞老化という生体防御機構に必須なエピジェネティック機構とそれに制御されるシグナルネットワークを解明し、この機構が破綻することで細胞老化が回避され発癌の原因となる異常を同定します。癌遺伝子活性化における発癌機構の解明と、癌細胞を老化させる新たな治療法の確立を目指します。



ヘテロクロマチン修飾除去メカニズムの解析

佐瀬英俊 沖縄科学技術大学院大学植物エピジェネティクスユニット 助教 情報システム研究機構国立遺伝学研究所総合遺伝研究系 助教

不活性化した遺伝子はDNAメチル化やヒストンの修飾といったヘテロクロマチン修飾を伴っており、再活性化のためにはこれらの修飾が除去される必要があります。しかしながらその重要性にも関わらずこのヘテロクロマチン修飾除去メカニズムについてはほとんど理解が進んでいません。本研究では遺伝学的解析に優れた植物をモデル系として、多くの生物に共通したヘテロクロマチン修飾除去メカニズムの解明を目指します。



エピジェネティクス制御化合物の創製と応用

鈴木孝禎 京都府立医科大学大学院医学研究科 教授 名古屋市立大学大学院薬学研究所 講師

エピジェネティクス制御化合物は、生命現象を理解するための重要なツールとなり、治療薬として応用できる可能性があります。本研究では、エピジェネティクス機構において重要な役割を担うヒストン脱アセチル化酵素、ヒストン脱メチル化酵素の特異的阻害剤を創製します。つぎに、得られた低分子阻害剤の疾患モデルに対する効果を観察することで、エピジェネティクスが関与する疾患のメカニズムを理解し、疾患の治療指針を導き出します。



Gene bodyメチル化の生物学的意義と分子機構の解明

鈴木美穂 愛知県心身障害者コロニー発達障害研究所 研究員 同上

近年、網羅的手法によりヒト全ゲノムにおけるDNAメチル化の解析が進められています。その過程で、DNAメチル化は「gene body」つまり遺伝子の転写領域部分に集中して付加されていることが明らかにされました。本研究は無脊椎動物カタツムリイボヤをモデルに、gene bodyメチル化の分子機構と機能を解明し、DNAメチル化に新たな意義付けを見出すことで従来の真核生物の基本転写制御研究に一石を投じます。



● 扉絵は、エピジェネティクス制御に重要な役割を果たす様々なクロマチン形態・修飾と、生物（生命）との関連をイメージしたものです。（岡田由紀研究者提供）

哺乳類の初期発生を制御するメチル化エピゲノムの解明

立花 誠 京都大学ウイルス研究所 准教授
同上



ヒストンのメチル化はDNAのメチル化と共に、高等真核生物の主要なエピジェネティックマークの1つです。DNAのメチル化は哺乳類の胚発生を通してダイナミックに変動することが分かっている一方で、ヒストンのメチル化修飾の動的変動に関しては不明の部分が多くあります。本研究によって、哺乳類の初期発生におけるヒストンのメチル化修飾のダイナミズムを明らかにし、その生物学的な意義を明らかにします。

神経変性疾患における系統的網羅的エピジェネティクス解析

岩田 淳 東京大学大学院医学系研究科 特任准教授
同上



ヒトの脳は生まれたときから持つ遺伝情報設計図を利用して、常に最適化しながらダイナミックに変化しつつ成長しますが、その過程でどのように設計図を利用しているか、その内容自体には変化はないのが等、その機構は全く不明です。本研究では、老化や成長過程における設計図のエピジェネティックな変化や異常が、アルツハイマー病やパーキンソン病といった神経変性疾患の発症原因と関係するのではないかとという仮説を立て、その検証をめざします。

発生を制御するヒストン修飾動態の*In silico*解析

夏目やよい 科学技術振興機構 さきがけ研究者
京都大学化学研究所 特定研究員



DNAを巻き取っているヒストンには、遺伝子の働きを調節するために様々な物質が結合(修飾)します。近年、ヒストン修飾には非コードRNAが関わっていることがわかってきました。本研究では、ショウジョウバエの卵から成虫になる段階においてヒストン修飾がどのように変化していくのか、非コードRNAがどのように関わっているのか、その変化が発生をどのように調節しているのかを情報科学的手法を用いて網羅的に明らかにします。

クロマチンのメチル化修飾消去機構の解明

束田裕一 九州大学生体防御医学研究所 感染ネットワーク研究センター 准教授
九州大学生体防御医学研究所 助教



細胞のリプログラミングは生命の発生、再生の本質的な制御であり、きわめて重要です。しかし、リプログラミングのメカニズムは解明されておらず、その最大の謎がクロマチンのメチル化修飾消去機構です。本研究では、その制御因子を探索、同定し、制御因子の生物学的な作用を分子レベル・細胞レベル・個体レベルで解析し、リプログラミングにおけるクロマチンのメチル化修飾消去機構の解明を目指します。

RNAシグナルを介したDNAのメチル化の分子機構の解明

菅野達夫 科学技術振興機構 さきがけ研究者
アイルランド国立大学コルウェイクリサーチ・アソシエート



植物はRNA分子を介してその塩基配列と相補性を持つDNA領域にDNAのメチル化を導入し、遺伝子発現を制御する機構を持っています。しかし、現在のところ、RNA分子がどのような分子機構によってメチル化の対象となるDNA領域を見つけるのか不明です。本研究では、遺伝学的手法を用いてRNA分子がメチル化の対象となるDNA領域を見つけるために必要なタンパク質因子を同定し、その分子機構の解明をめざします。

DNAメチル化の下流で働く作用メカニズムの解明

西村泰介 科学技術振興機構 さきがけ研究者
ジュネーブ大学 上級研究員



DNAメチル化は動物と植物で共通に観察されるクロマチン修飾の一つで、遺伝子の発現を制御することが知られています。しかしDNAメチル化がどのようにクロマチン構造を変化させて、遺伝子の発現を制御するのか、その機構はほとんど明らかにされていません。本研究では、植物を研究材料とした遺伝学のアプローチによって単離された突然変異体を用いて、DNAメチル化の下流で働く因子を同定し、その作用メカニズムの解明をめざします。

新規ポリコム群・トリソラックス群の探索

西岡憲一 佐賀大学医学部 助教
同上



各種幹細胞の分化段階では、それぞれに特異的なマスター制御遺伝子が細胞の運命を決定しています。このマスター制御遺伝子の発現を調節するのがポリコム群・トリソラックス群と呼ばれる遺伝子群の産物です。近年、幹細胞の分化だけではなく、がん細胞の悪性化にも関わっていることが明らかになってきました。本研究では、新規の哺乳類ポリコム群・トリソラックス群遺伝子を網羅的に同定することによって幹細胞研究の基盤を強化します。

エピジェネティクス制御の多様性と進化

北野 潤 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 特任准教授
東北大学大学院生命科学研究所 助教



表現型可塑性や性染色体転座は、ヒトにおいても見られる普遍的な現象です。本研究では、トゲウオ科魚類のイトヨをモデル生物として、表現型可塑性のエピジェネティクス機構、さらに、性染色体転座がエピジェネティクス制御に与える影響を明らかにし、エピジェネティクス制御の集団間変異の適応的意義と進化遺伝機構の解明をめざします。

腸内共生系におけるエピジェネティックな免疫修飾

長谷耕二 理化学研究所免疫アレルギー科学総合研究センター 上級研究員
理化学研究所免疫系構築研究チーム 上級研究員



免疫系は最も高度に発達した高次生命システムの一つです。近年、免疫系の成立においてエピジェネティックな制御が必須な役割を果たすことが明らかになりつつありますが、その仕組みには不明な点が数多く残されています。本研究では共生細菌による免疫エピゲノム修飾機構を明らかにすることで、免疫関連疾患の病態解明と治療技術の確立へ向けた分子基盤の構築をめざします。

Immortal DNA機構解明への挑戦

飯田哲史 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 助教
同上



染色体複製によって生じた姉妹染色体のうち一方の鋳型DNA鎖に由来する染色体を特異的に選択する染色体分配は、しばしば非対称な細胞分裂で観察され、幹細胞における細胞の分化や老化抑制の制御に関与している可能性が考えられます。本研究では酵母をモデルとして、さまざまな生物種に適用可能な染色体の鋳型DNA鎖同定技術を確立し、鋳型DNA鎖選択型の染色体分配を制御する新しいエピジェネティクス制御機構の解明をめざします。

がんの組織多様性に関わるエピジェネティクス可塑性とその制御機構

近藤 豊 愛知県がんセンター研究所分子腫瘍学部 室長
同上



固形がんは腫瘍内で組織多様性を示すことが多く、高い転移・浸潤能を持った細胞が存在すると治療上で大きな問題となります。本研究では、組織多様性を獲得する機序ががん細胞の可塑性(柔軟性)に起因すると考え、臨床検体およびマウスモデルを用いて、発がんの早期からがん細胞の可塑性を制御するエピジェネティクス機構について解析します。さらにその分子基盤を標的とした小分子化合物を同定し、革新的ながん治療法の確立をめざします。

セントロメアを規定する新規エピジェネティックマーカーの探索と同定

堀 哲也 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 助教
同上



細胞分裂において生物が正確な染色体分配を行なうためには、セントロメアが重要な働きを担います。セントロメアは、DNA配列に依存しない、エピジェネティックな分子機構によると考えられています。しかし、何を目標に多数のセントロメアタンパク質がセントロメア領域へ集合しているのか不明です。本研究では、セントロメアを規定する目印を探索・同定し、セントロメアの形成メカニズムの解明をめざします。

細胞運命に関わるポリコム群制御の切り換え機構

磯野協一 理化学研究所免疫器官形成研究グループ 上級研究員
同上



クロマチンの高次構造に影響を与えるポリコム群タンパク質は多くの分化関連遺伝子を抑制します。そのポリコム群による抑制とその解除は細胞運命の決定に必要ですが、その分子制御機構は十分に理解されていません。本研究では、生細胞内で形成されるポリコム群構造体に注目し、その形態変化によるポリコム群の制御機構と、その形態変化が分化シグナルによって誘導されることを解明します。

小分子RNAによるエピゲノム形成の分子機構

齋藤都暁 慶應義塾大学医学部 講師
同上



多細胞生物のゲノムは膨大な転移因子に占められています。転移因子はその名前が示すようにゲノム内を転移することでコピー数を増大させます。生物はゲノムにとって脅威となる転移因子を抑制する機構を持っており、最近、小分子RNAが転移因子の抑制過程に関与することが発見されました。本研究ではモデル動物としてショウジョウバエを用い、小分子RNAによる転移因子の抑制機構を分子レベルで解明します。

両生類の再生を支えるエピジェネティクス機構の解明と応用

牧 信安 科学技術振興機構 さきがけ研究者
テイトン大学 上級研究員



イモリなどの両生類は我々と同じ脊椎動物であるにもかかわらず、高い再生能力を持ち、体のほとんどの組織を再生できます。この高い再生能力は、脱分化・分化転換などのユニークな生命現象によって支えられています。本研究では、両生類の再生機構をエピジェネティックな視点で解明し、再生医療への応用をめざします。

哺乳類細胞を用いたヒストンの逆遺伝学的解析技術の開発

山口雄輝

東京工業大学大学院生命理工学研究科
准教授
同上

ヒストンは多様な化学修飾を受けます。この化学修飾がエピジェネティックな情報を担っていると考えられますが、化学修飾を施す酵素群の研究は進む一方、化学修飾を受ける側のヒストン残基自体の機能解析は、技術的な理由により立ち後れています。本研究では、哺乳類細胞のヒストン残基一つ一つの機能を明らかにする新しい実験系の開発を行ない、エピジェネティクス研究を強力に推進する基盤技術の確立をめざします。



X染色体再活性化ライブイメージング技術を用いた幹細胞研究

小林 慎

科学技術振興機構 さきがけ研究者
東京医科歯科大学難治疾患研究所
特任講師

X染色体再活性化は、幹細胞の多能性を評価できる指標として注目を浴びるようになりましたが、これまでのところ簡便なモニター法は報告されていません。本研究ではX染色体の再活性化をライブイメージングとして検出する方法を確立し、それを利用し「リプログラミング」の実体の理解を目指します。研究の成果はヒトES細胞の効率的な作製に寄与すると期待でき、再生医療の発展に大きな影響を与える可能性があります。



三胚葉分化直前の条件的ヘテロクロマチン形成の発生物学的意義

平谷伊智朗

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
助教
同上

マウス初期発生時期に形成される条件的ヘテロクロマチンは、その後の発生・分化過程を通して体細胞において安定的に維持されるため、細胞の分化状態の維持に関与していると考えられますがその詳細はほとんど明らかになっていません。本研究では、この初期発生時期に起こる条件的ヘテロクロマチン形成の分子基盤を解明し、これを人為的に操作することでその発生物学的意義を明らかにすることを目指します。



免疫細胞の運命維持におけるエピジェネティック制御機構

伊川友活

理化学研究所免疫・アレルギー科学総合研究センター 研究員
同上

T細胞及びB細胞は感染防御において中心的な役割を果たしています。これらリンパ球(免疫細胞)は骨髄幹細胞から作られますが、その分化・成熟過程においてそれぞれの細胞の運命がどのように制御・維持されるのか明らかではありません。本研究では、T細胞及びB細胞の生成過程において、その運命がエピジェネティックにどのように制御されているのかを解明する事を目指します。



ヒストン修飾の動態を可視化検出するための系の確立

佐々木和樹

科学技術振興機構 さきがけ研究者
科学技術振興機構 ERATO研究員

エピジェネティクスは遺伝子の塩基配列によらない発現制御機構であり、ヒストンのアセチル化・メチル化・リン酸化などの化学修飾がその中心の一つを担っていると考えられています。このヒストンの化学修飾を可視化検出することを可能にする蛍光プローブをシリーズで揃え、分化誘導・再生の際に細胞内で起きるエピジェネティックな動態変化を解明することを目指します。



記憶タグとして機能するエピジェネティクスの解明

平野恭敬

科学技術振興機構 さきがけ研究者
(財)東京都医学総合研究所 運動・感覚システム研究分野
客員研究員

人を含めた動物は、記憶を獲得し、獲得した記憶を正確に保持することで、記憶に即した行動をとることが出来ます。人においては、過去のあらゆる記憶を保持することにより、人格が形成されるといっても過言ではないでしょう。しかしながら、記憶保持のメカニズムは驚くほどわかっていません。本研究では、エピジェネティクスが今まで謎であった記憶保持メカニズムの一つであるという新しい概念の提唱を目標とします。



環境変動にともなう転移因子と宿主のゲノム応答

伊藤秀臣

北海道大学大学院理学研究院 助教
同上

本研究では環境ストレスにより活性化するトランスポゾンと宿主ゲノムの遺伝的ゲノム変化とエピジェネティックな変化を総合的に理解することを目指します。現在までに高温ストレスで転移したトランスポゾンを含む子孫でストレス耐性が得られています。この個体にどのような遺伝的、もしくはエピジェネティックな変化が起きているのかを調べ、また、そのトランスポゾンの転移制御が、いつ、どこでおこるのかを植物の組織レベルで解析します。



複合体解析から多様なエピゲノム制御と多様性

田上英明

名古屋大学大学院システム自然科学研究科 准教授
同上

エピジェネティクスは可塑的でありながら、ダイナミックな平衡状態にあります。本研究では、新規クロマチン制御因子HiTAP1の分子機能から細胞増殖や寿命といった生命現象との関連性と、酵母から植物、ヒトにおけるエピゲノム制御の共通性や多様性を明らかにします。さらに、エピゲノム機能制御システムのスナップショット複合体解析を行い、新しい解析ツールを用いた生化学的スクリーニング法の開発を目指します。



コヒーシンのクロマチン構造変換の可視化と制御機構の解明

西山朋子

名古屋大学高等研究院 特任講師
ウィーン分子病理学研究所ヤンミハエル・ピーターズ研究室 博士研究員

姉妹染色分体間の接着に不可欠であるコヒーシンは、近年、その転写制御因子としての重要性が明らかにされつつあります。コヒーシンのクロマチンの高次構造変換が転写制御を可能にしていると推測されていますが、直接的な証拠はなく、その分子メカニズムは謎に包まれています。本研究ではコヒーシン依存的なクロマチンの構造変換を直接可視化することで、コヒーシンの遺伝子発現制御メカニズムの解明を目指します。



気分障害患者脳試料におけるシトシン修飾状態の解析

岩本和也

東京大学大学院医学系研究科 特任准教授
同上

重篤な精神疾患である双極性障害やうつ病の発症の分子メカニズムはほとんど明らかにされていません。近年の研究により、様々な環境要因が脳内のエピジェネティックな状態に影響を与えている可能性が示唆されています。本研究では、主にヒト死後脳試料を用い、気分障害とエピジェネティクスとの関りの解明を目指します。また、得られた知見を基に診断・鑑別に資するバイオマーカーの探索を行います。



FACTを介したクロマチンリモデリング機構の構造基盤

津中康央

科学技術振興機構 さきがけ研究者
国際高等研究所アシスタントフェロー

エピジェネティックな遺伝子発現制御はクロマチンの動的構造変化に依存して行われるために、その分子機構を理解する事が分子生物学における重要な研究課題であります。本研究では、クロマチン構造変換過程において中心的役割を果たし、エピジェネティックな遺伝子発現制御にも関与しているリモデリング因子FACTを介したクロマチンリモデリング機構を立体構造の観点から明らかにする事を目指します。



ヒストン糖修飾を介するエピジェネティクスの制御機構

藤木亮次

東京大学分子細胞生物学研究所 助教
同上

ヒストン修飾は、DNAのメチル化とならび、エピジェネティクスの制御を支える大きな柱です。本研究では、最近見出したヒストンの糖修飾について、これを解析する抗体ツールの開発とその生物学的意義の解明を目指します。さらに、ヒストン糖修飾とその他修飾のクロストークを明らかにする目的で、クロマチン免疫沈降法(CHIP)と高感度質量分析(MS)を組み合わせたCHIP-MS法の新規開発にも挑戦します。



エピジェネティック治療を目指した心不全の病態解明

金田り

慶義義塾大学医学部 特任助教
同上

慢性心不全の病態において「エピジェネティック変化」が重要であることが明らかになってきました。正常心と不全心とは核内ヒストン蛋白H3R17シリン4およびシリン9のトリメチル化領域の分布が大きく異なります。本研究では「心不全特異的エピジェネティック変化」に焦点をあて、ヒストン修飾酵素阻害薬による心不全新規治療法の開発を目指すとともに、疾患特異的ヒストン修飾を制御する機能性RNAの同定を試みます。



始原生殖細胞の内因性リプログラミング機構による幹細胞制御

林 克彦

京都大学大学院医学研究科 講師
同上

次世代の個体を作るための生殖細胞は、最終的に全能性をもつ配偶子になるために、発生・分化の過程で構築されたエピゲノムを再構築(リプログラミング)しています。本研究では、独自の培養系を用いて、生殖細胞の源である始原生殖細胞がもつ内因性リプログラミング機構がiPS細胞のエピゲノムの再構築、多能性の維持、および生殖幹細胞への分化や個体発生能にどのように影響するか、その解明を目指します。



Long non-coding RNA による転写抑制機構の解明

増井 修

理化学研究所免疫・アレルギー科学総合研究センター 研究員
同上

ゲノムDNAから転写されるRNAの大半はタンパク質をコードしておらず、それらはノンコーディングRNAと呼ばれています。近年、ノンコーディングRNAの多くがゲノム上の転写を調節する役割を果たしていることが明らかになってきていますが、その作用メカニズムはよく分かっていません。本研究ではX染色体不活性化を引き起こすXist RNAをモデルとして、他のノンコーディングRNAに共通する転写調節機構の解明を目指します。



平成23年度発掘研究賞 [C] 3期賞