

原田 哲仁

九州大学生体防御医学研究所  
助教

## 組織特異的ゲノム構造の再構築技術の開発

### § 1. 研究成果の概要

人体を構成するすべての細胞は、同一且つ数万もの遺伝情報(遺伝子)から適切な遺伝情報を  
選択することで多様な機能を獲得している。一方で、リプログラミングやダイレクトリプログラミングの  
ように人為的に細胞を別の細胞へと形質を変化させる場合、その効率は十分ではない。その解決  
のカギを担っているのが、ヒストン修飾等のクロマチン構造や、クロマチンループ等のゲノム高次構  
造である。これまでに、ヒストンバリエーションの強制発現やヒストン修飾タンパク質の発現レベルの調節  
によりリプログラミング効率が改善することが報告されており、転写因子が機能する適切なゲノム高  
次構造の存在が示唆されている。本研究では、適切な  
細胞操作技術の開発のための基盤となるゲノム構造の  
情報を、新たな解析技術の開発を通して取得し応用す  
ることを目指している。2019 年度は、我々が開発した単  
一細胞レベルでゲノム構造の解析が可能な ChIL-Seq を  
もとに、より多くの細胞を1細胞レベルで同時解析可能な  
技術ハイスループット ChIL-Seq の技術開発を行った(図  
1)。今後はこの技術の妥当性の評価を行い、実際のクロ  
マチン構造のデータの取得を目指す。

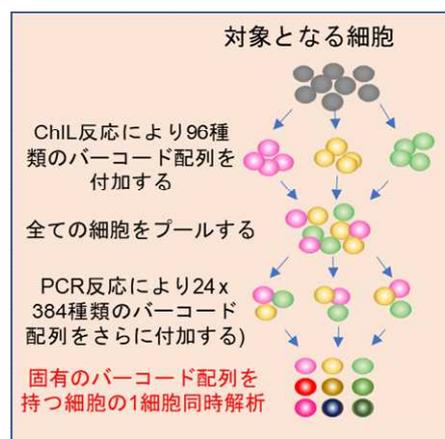


図1.ハイスループットChIL-Seqの概念図