

エピゲノミクス分野

Division of Epigenomics

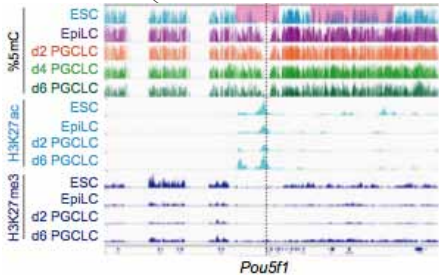
主幹教授(兼任)

佐々木 裕之

Distinguished Professor :  
Hiroyuki Sasaki, M.D., Ph.D.

E-mail : [hsasaki@bioreg.kyushu-u.ac.jp](mailto:hsasaki@bioreg.kyushu-u.ac.jp)

大学院  
医学系  
学府  
担当



# エピゲノムから紐解く病気のメカニズム

## ■研究概要

様々な病気の原因を探り克服するには、エピゲノムを研究する学問であるエピゲノミクスの役割が益々重要になってきた。ゲノムには蛋白質の設計図や生命機能に必要なプログラムが収載されているが、それらの遺伝情報をいつでも取り出すのかを正しく制御することが、細胞の運命決定や恒常性の維持に不可欠である。このような制御にはゲノムDNAのメチル化やヒストン蛋白質のメチル化、アセチル化などの化学修飾が重要で、個々の細胞が持つそのような修飾の総体をエピゲノムと呼ぶ。エピゲノムの破綻は、がん、先天異常、免疫疾患などを引き起こす。また、エピゲノムは環境の影響を受けて徐々に変化することから、代謝性疾患、精神神経疾患などもエピゲノムの異常と捉えることができる。エピゲノム制御は再生医療の鍵でもある。

エピゲノミクス分野では疾患における細胞の質的変化をエピゲノムの観点から理解することを目指して、高速シーケンサーを用いたエピゲノム解析を行っている。とくに、国際ヒトエピゲノムコンソーシアム (International Human Epigenome Consortium, IHEC) の一員として胎盤や子宮およびそれらの疾患サンプルのエピゲノム解読を進めている。さらに、様々な霊長類のエピゲノムの比較解析を行い、進化医学の観点から研究を展開している。エピゲノムを構成するメチル化、アセチル化などの化学修飾は薬剤で制御可能であるため、これらの知見は新しい創薬ターゲットを提供するであろう。最終的に、他のオミクス情報と合わせた横断的・統合的な研究を展開し、様々な病気を克服することを目指している。

## ■Research Projects

Epigenomics, the study of the epigenome, has become more and more important in understanding disease processes. Cell fate determination and homeostatic maintenance involve stable gene regulation based on chemical modifications of chromatin such as methylation of DNA and histone proteins. The entire set of such chromatin modifications of a particular cell is called the epigenome. Epigenomic changes can cause cancers, congenital anomalies and immunological disorders. Furthermore, epigenomic changes induced by environmental factors can be associated with metabolic diseases and neuropsychiatric disorders. Epigenomics is critical for regenerative medicine too.

To understand the epigenomic changes in disease processes, we are studying the human epigenomes using high throughput sequencers. We are currently focusing on the placenta and uterus and their pathological samples in an effort to contribute to the International Human Epigenome Consortium (IHEC). By integrating all information from other omics approaches (transomics approach), we hope to identify useful disease markers and drug targets.

## ■Major Recent Publications:

- Toh H., Shirane K., Miura F., et al. Software updates in the Illumina HiSeq platform affect whole-genome bisulfite sequencing. **BMC Genomics** 18: 31, 2017.
- Hamada H., Okae H., Toh H., et al. Allele-specific methylome and transcriptome analysis reveals widespread imprinting in the human placenta. **Am. J. Hum. Genet.** 99: 1045-58, 2016.
- Watanabe T., Tomizawa S., Mitsuya K., et al. Role for piRNAs and non-coding RNA in de novo DNA methylation of the imprinted mouse Rasgrf1 locus. **Science** 332: 848-52, 2011.