

エピゲノミクス分野

Division of Epigenomics

教授(兼任)

大川 恭行

Professor : Yasuyuki Ohkawa, Ph.D.

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

大学院  
システム  
生命科学府  
担当



## ゲノム動作メカニズムの理解を目指す

### ■研究概要

エピゲノミクス分野では、エピゲノム情報を解析する計測技術の開発を目指している。エピゲノムは、さまざまな疾患の原因を特定し、克服する上で重要となるゲノム情報を活用する制御情報の総体である。ゲノムには、最終的なタンパク質の設計図からその結果生じる代謝動態までがプログラムされており、ゲノム情報を正確に活用する過程の理解が広義におけるエピゲノミクスとなりつつある。エピゲノム制御情報には、古典的にはゲノムDNAやヒストンタンパク質のメチル化やアセチル化といった化学的修飾などのクロマチン構造情報が重要であり、現在では、さらに、クロマチン構造と相互作用する代謝産物からRNA、そして核内の物理的性質まで多岐に渡る。これらエピゲノムの失調は、がん、先天性異常、免疫疾患などの原因となることがある。さらに、エピゲノムは環境の影響を受けて徐々に変わり、代謝疾患や神経精神疾患もエピゲノムの問題として捉えられる。エピゲノムの解析は今後ますます重要性が増すと考えられる。

エピゲノミクス分野では、個体、組織形成、あるいはその破綻である疾患まであらゆる対象において、細胞の変化を分子レベルで理解することを目指している。クロマチン構造のメチル化やアセチル化などの化学修飾は、創薬標的となり、新たな治療ターゲットの提案が可能となる。今後獲得されるオミクスデータから、分子機序から表現型まで包括的な研究を展開し、多くの病気の解決につなげていく。

### ■Research Projects

In the division of epigenomics, the development of measurement techniques for analyzing epigenomic information is being pursued. The epigenome is a collection of regulatory information that utilizes genomic information and is critical to identifying and overcoming the causes of various diseases. The genome contains programs ranging from the ultimate protein blueprints to the resulting metabolic dynamics. Understanding the process of accurately utilizing genomic information is becoming epigenomics in a broader sense. Classical epigenomic regulatory information includes important chromatin structure information, such as methylation and acetylation of genomic DNA and histone proteins. It now extends to various interactions with chromatin structures such as metabolites, RNA, and physical properties within the nucleus. These imbalances in the epigenome can lead to cancer, congenital abnormalities, and immune disorders. In addition, the epigenome gradually changes under the influence of the environment, and metabolic and neuropsychiatric diseases can also be considered epigenomic problems. Epigenome analysis is expected to become increasingly important in the future.

Division of Epigenomics aims to understand cellular changes at the molecular level in various contexts, including individuals, tissues, and diseases due to their ddysfunctions.

### ■Major Recent Publications:

1. Maehara K., Tomimatsu K., Harada A., et al. Modeling population size independent tissue epigenomes by ChIL-seq with single thin sections. *Mol. Syst. Biol.* 17(11): e10323, 2021.
2. Honda M., Oki S., Kimura R., et al. High-depth spatial transcriptome analysis by photoisolation chemistry. *Nat. Commun.* 12(1): 4416, 2021.
3. Handa T., Harada A., Maehara K., et al. Chromatin integration labeling for mapping DNA-binding proteins and modifications with low input. *Nat. Protoc.* 15(10): 3334-60, 2020.
4. Harada A., Maehara K., Handa T., et al. A chromatin integration labelling method enables epigenomic profiling with lower input. *Nat. Cell Biol.* 21(2): 287-96, 2019.