

研究領域名 ゲノムアダプテーションのシステムの理解

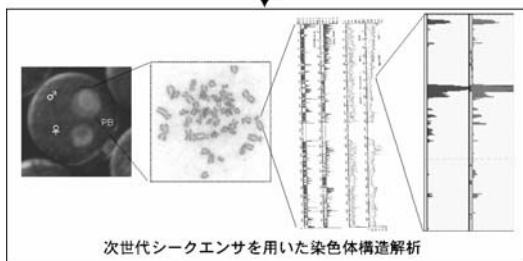
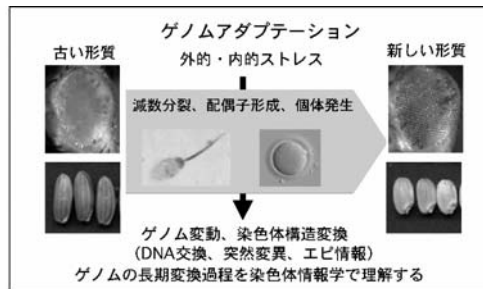
研究期間 平成22年度～平成26年度（5年間）

しのはら あきら

大阪大学・蛋白質研究所・教授 **篠原 彰**

【本領域の目的】

同じ生物種内ではほぼ均一のゲノムを有しているのにも関わらず、ある程度の変化を許容する現象、すなわち、同一種であることを確保しながら生物機能発現に多様の変化を与える現象を“ゲノムアダプテーション”と定義する。ゲノムアダプテーションを統合的に理解するため、本領域研究は1) 染色体構造が形成・維持され、ゲノム変動（組換えや変異）により変化し、次世代へ継承されるメカニズム、2) 外的、内的ストレスにより変化を受けた染色体構造が中長期的に伝播され、維持されるメカニズムを明らかにする。さらには、3) 細胞周期上で離散的に収集された観測データに基づく染色体動態の数理モデル化、種間比較という大きな時間軸での進化解析を行うことで、染色体動態およびゲノム構造変化の時間軸に沿った因果関係を明らかにし、染色体情報を統合的に理解するためのシステムの構築を図る。



【本領域の内容】

3つの研究領域を設定して、ゲノムアダプテーションを統合的に理解する。領域1では、配偶子形成に必要であり、染色体全体の構造変換や染色体運動と密接に関連している減数分裂期では組換えとゲノムアダプテーションとの関連を解明する（阪大、篠原）。また、ヘテロクロマチン構造とインプリンティングが関与し、体細胞分裂期におけるゲノムアダプテーションの良いモデルと成り分裂酵母の接合型変換の分子レベルでの解明を目指す（東工大、岩崎）。さらに、動原体の欠落などに

よる誘発される、染色体は大胆かつ柔軟な再編成によって適応する能力の解明を目指す（阪大、石井）。領域2では、環境変化による熱ショックストレスなどによって、誘発されるゲノムアダプテーションの見付け、分子の仕組みを解明する。ショウジョウバエやマウスを用い、熱ストレスによって誘導される中、長期の染色体構造変化のメカニズムと生物学的意義を解明する（理研、石井）。また、約一万年前に始まったと考えられるイネの栽培化過程におけるゲノムアダプテーションの解明を目指す（井澤）。加えて、遺伝情報のリプログラミングである受精卵や雌雄配偶子でのアダプテーション機構を明らかにする（京大、岡田）。領域3では、モデル生物として酵母を用いて、有糸分裂期と減数分裂期における染色体結合タンパク質の動態、修飾状態、転写産物の体系的解析を実施し、個々のタンパク質の染色体上の分布から、染色体動態の総合的、体系的な理解を目指す。また、はるかに巨大で、複雑な構造を持つハエ、マウス、ヒトなどの高等真核生物染色体を対象にした基盤技術（ChIP-seq等）を確立する（東工大、伊藤；東大、白髭）。また、ゲノムアダプテーションの基盤となるDNA変動を、急速に増大するゲノム情報を活用してデータマイニング法やその伝承形式のモデル化するプログラムを開発する（北大、渡邊）。

【期待される成果】

本領域により、これまで学問的全く知られていなかった、新規の概念“ゲノムアダプテーション”を確立できることが期待できる。また、染色体の動態を統合的に理解できる解析系を開発するため、新しいゲノム情報学という領域を生み出す可能性を秘めている。遺伝的に多様なさまざまな病気の分子レベルでの病態の解明や、新しい育種の技術の開発を可能にする。

【キーワード】

ゲノムアダプテーション；同一種であることを確保し、生物機能発現に多様の変化を与える現象