

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 組織特異的ゲノム構造の再構築技術の開発

2. 個人研究者名

原田 哲仁（九州大学生体防御医学研究所 准教授）

3. 事後評価結果

本研究では、新規の単一細胞エピゲノム解析技術を開発し、組織特異的遺伝子発現を操作する技術基盤を構築することを目的とした。具体的には、組織特異的遺伝子発現を操作する技術基盤の構築のために、組織特異的な遺伝子発現を可視化するための単一細胞解析技術の開発とそれを用いたデータの取得を目的とし、（1）組織特異性を規定するゲノム構造の獲得、（2）組織特異的なゲノム構造を規定する制御因子の同定、（3）組織特異的なゲノム構造の再構築の3つの課題を並行して進めた。その結果、クロマチンのエピジェネティック構造や転写因子の結合を少数細胞から高精度で検出することができるChIL-seq法の開発とその応用を究めた点は高く評価できる。共同研究も盛んに行われているが、本人の研究興味に基づく解析も着実に進められた。特に、分化において組織特異的遺伝子発現に必要な因子とゲノム高次構造を包括的に理解することを試み、単一細胞でエピゲノムダイナミクスを可視化する技術を開発した。これを用いて、骨格筋分化におけるヒストン修飾のダイナミクスとRNAポリメラーゼIIとの関連を解析した。単一細胞レベルでのエピゲノム解析手法の確立は高く評価できる。論文発表や特許出願といった成果発表や、領域内外との共同研究も積極的に行っており、期待を上回る成果をあげている。

本研究の成果により、組織特異的な遺伝子発現に寄与するゲノム構造を取得し分類する解析基盤の構築に成功した。解析対象として本研究では骨格筋分化系を用いているが、開発されたChIL-seq法とその改良技術は様々な分化系で利用できることが実証されてきており、今後、本技術が広く普及していくことが期待される。特に、時間軸を伴う単一細胞エピゲノム解析技術の標準的な手法となることが期待される。