分裂酵母をモデル生物とした真核生物エピジェネティック制御機構の研究

Studies on eukaryotic epigenetic regulation by using fission yeast as a model organism

グループ 紹 介 研究代表者:加藤 太陽(医学部・助教、科学技術振興機構さきがけ研究員(兼任))

研究協力者:浦野 健(医学部・教授)

Leader: Hiroaki Kato (Assistant Professor, Faculty of Medicine. PRESTO, Japan Science and Technology Agency)

Collaborator: Takeshi Urano (Professor, Faculty of Medicine)

概 要

ヒトゲノムには2万~2万5千の遺伝子が存在します。しかし、分化した個々の細胞はそれらをすべて利用しているわけではありません。細胞は独自のアイデンティティーを保つため、DNAとヒストンの化学修飾によって発現あるいは抑制すべき遺伝子を記憶しています。この現象はエピジェネティクスとして知られています。私たちは分裂酵母をモデル生物として用い、エピジェネティックな記憶を確立する仕組みを研究しています。

Even though there are 20,000 - 25,000 genes in the human genome, each differentiated cell does not utilize all of them. The cells know which of the genes should be expressed or repressed through chemical modifications of DNA and histones in order to keep its unique identity. This phenomenon is known as "epigenetics." We are studying how the epigenetic memory is established by using fission yeast as a model organism.

特 色 研究成果 今後の展望

研究の特色

真核生物の染色体は、ヒストンタンパク質にDNAが巻き付いたヌクレオソーム構造を基本単位として核内にコンパクトに折り畳まれています。その折り畳みの程度は一様ではなく、遺伝子の情報を写し取る、いわゆる「転写」が起きるユークロマチン領域と、高度に凝縮しており転写が起きないへテロクロマチン領域が存在します。例えば、ほ乳類のメスのX染色体の一方はヘテロクロマチン化されており、その効果により異性間の遺伝子量の差が補正されています。私たちは、遺伝学的解析が容易な分裂酵母をモデル生物としてヘテロクロマチンを研究しています。

これまでの研究成果

転写が起きないと長年信じられてきたヘテロクロマチンを形成するためには、むしろその領域でRNAポリメラーゼII(転写を触媒する酵素)が転写を行ってRNA干渉経路を働かせる必要があります。私たちは分裂酵母の遺伝学的研究によってこれを発見し、世界に先駆けてScience誌にて発表しました(下図参照)。

今後の展望

この数年間の世界的な研究競争の結果、ヘテロクロマチンを維持する仕組みについての知見はかなり深まりました。一方、ヘテロクロマチンを新規に確立する仕組みはほとんど解明されていません。私たちは、独自の実験系を構築してヘテロクロマチン確立機構の解明に取り組んでいます。分裂酵母におけるエピジェネティック制御機構の理解は、高等真核生物の分化機構の解明や再生医療の発展に寄与すると期待されます。

