

平成26年5月9日

平成25年度共同研究報告書

京都大学再生医科学研究所長 殿

研究代表者（申請者）

所属：東京大学先端科学技術研究センター

職名：特任助教

氏名：神吉 康晴

下記のとおり共同研究課題の実施結果について報告します。

記

1. 研究課題：染色体立体構造からのヒト iPS 細胞未分化維持機構へのアプローチ
2. 再生医科学研究所共同研究者：山下 潤 教授
3. 研究期間： 短期研究課題 ・ 長期研究課題
(平成25年4月1日～平成26年3月31日)

4. 研究経過及び研究成果：

申請者は、細胞特異性を決定しているエピジェネティクス機構の中で、染色体構造に着目し、次世代シーケンサーを用いて染色体構造を解析する手法 ChIA-PET (Chromatin Interaction Analysis by Pair-End Tag Sequencing) を用いて、ヒト血管内皮細胞の解析には既に成功している。今回の共同研究では、血管内皮細胞と共通の precursor をもつ血球系細胞及びヒト iPS 細胞を用いて、分化系における染色体配置のダイナミクスを解析することを目指した。これまでの染色体網羅解析の欠点は、異なる染色体間の相互作用を拾っていないこと、ある一定以上距離の離れた相互作用は検出できていないこと、であった。そこで、今回我々は、既存の ChIA-PET データの新たな解析アルゴリズムを構築し（論文投稿予定）、2M base 以上離れた相互作用や、異なる染色体間での相互作用の検出に成功した。

上記手法を用いてヒト臍帯静脈内皮細胞（HUVECs）とヒト白血病細胞株（K562）における ChIA-PET データを解析し、特に相互作用が集積している領域を見出し、その遺伝子を hub gene を名付けた。更に、RNA-seq の結果と合わせることで、hub gene と細胞特異的遺伝子発現には強い相関があることが分かった。

今後は、hub となっている領域に集積しているファクトリーを同定すること、更に、分化を制御するような染色体動的因子が存在するのか、等を解析目標として研究を進める予定である。

5. 研究成果の公表

※発表論文リスト（掲載予定、プレプリントを含む。準備中も可）、学会発表等（論文）

1: Yasuharu Kanki, Taichi Matsunaga, Kohei Yamamizu, Hiroyuki Aburatani, Youichiro Wada, Tatsuhiko Kodama, Jun K Yamashita, Takashi Minami

「Genetic and Epigenetic Landscape of Endothelial Cells Differentiation reveal the Transcriptional Factors Network」(投稿予定)

(学会発表)

1 : The 12th International Society for Stem Cell Research Annual Meeting (2014 年、バンクーバー) にて発表 (予定)