

高深達度の Micro-C を用いたゲノムエンハンサーの標的遺伝子同定

京都大学ヒト生物学高等研究拠点 (WPI-ASHBi) 村川泰裕

要旨

近年のゲノムサイエンスの重要テーマの一つに、エンハンサーの標的遺伝子の解析があげられる。エンハンサーは、遠くに存在する標的遺伝子の発現を増強するエレメントである。近年、次世代シーケンサーを活用した網羅的手法により、ヒトゲノムに散りばめられたエンハンサー領域が明らかになりつつある。しかしながら、どのエンハンサーがどの遺伝子を制御しているのか、未だに大部分が未解明である。本発表では、約 400 億リードの高深達度の Micro-C データを取得し、単一ヌクレオソームレベルの高解像度でヒトゲノムの三次元構造を解析し、エンハンサーと遺伝子の相互作用を網羅的に紐解く我々の最近の取り組みを紹介する。第一に、どのようにして高深達度の Micro-C データを作成するのか、実験現場での様子を具体的にお伝えする。そして、Micro-C によるゲノムの三次元構造マップをもとに、大規模なゲノムワイド関連解析により見出された自己免疫疾患の感受性ゲノム領域の生物学的理解を目指す最近の研究結果を紹介する。