

トランスクリプトーム解析法の設計とその医学応用

京都大学 ヒト生物学高等研究拠点 (WPI- ASHBi)

村川 泰裕 教授

日時: 令和6年12月9日(月)17:00~18:00

場所: がん進展制御研究所4階会議室

ヒトの遺伝情報の解読により、病気の発症メカニズムの理解が深まり、新たな治療法が開発されることが期待される。ヒトゲノムの約80%の領域からはRNA分子が転写されていると示唆されており、これらはタンパク質やペプチドの合成に関与するほか、RNA自体が生体内で機能を果たしていたりする。しかし、従来のトランスクリプトーム解析技術の限界により、細胞内でどのようなRNAが合成され、どのように機能しているのかは十分に解明されていない。そこで私たちは、RNAを網羅的に調べるための独自のトランスクリプトーム解析技術を設計・開発している。そして、ヒト遺伝子の発現制御メカニズムを単一細胞レベルで解析したり(文献1)、新規RNA分子の探索を行ったり(文献2)、さらにはRNAの発現分布を空間的に調べる、といった研究に取り組んでいる。その結果、これまで報告されていなかったゲノム領域からも多数の新規RNA分子が発見されており、これらは細胞種や疾患に特異的に発現することが明らかになってきた。本セミナーでは、これら未知のRNA分子の探索と、将来的な医学的応用に向けた取り組みについて議論する。

1. Murakawa Y et al. An atlas of transcribed enhancers across helper T cell diversity for decoding human diseases. *Science* 385(6704):eadd8394 (2024)
2. Murakawa Y et al. NET-CAGE Characterizes Dynamics and Topology of Human Transcribed Cis-regulatory Elements. *Nature Genetics* 51:1369-1379 (2019)

連絡先: 新学術創成研究機構・がん進展制御研究所

高橋智聡(chtakaha@staff.kanazawa-u.ac.jp)