



## 先進的ゲノム解析技術を駆使して生命現象を明らかにする Dissect biomedical phenomena with advanced genomic technologies

次世代シーケンサー（NGS）やアレイ解析等の先進的解析技術を用いて取得したゲノム、エピゲノム、トランスクリプトームなどの多様な生命情報を統合し、生命現象、とりわけがんなどの疾患をシステムとして理解することを目指しています。大量情報処理は生命科学が直面する大きな課題であり、情報科学者と実験系研究者が融合した研究環境作りを行っています。

### パーソナルゲノム

NGS技術の進歩は個人のゲノム情報を決定することを可能にしました。がん細胞のゲノムに蓄積した多くの遺伝子変異はがん遺伝子の活性化やがん抑制遺伝子の不活化をもたらし、細胞の癌化、悪性化につながると考えられます。症例毎に生じる遺伝子変異は異なるため、肝がんや胃がんの遺伝子変異を同定し、発がんメカニズムの解明を目指しています。

### ゲノム機能制御の解明

エピゲノム標識は、DNAメチル化やヒストンアセチル化、メチル化など後天的な化学修飾によって形成される「細胞レベルの記憶」といえます。エピゲノム情報は、細胞分化、疾患、外界からのストレスによってダイナミックに変動することから、クロマチン免疫沈降、DNAメチル化、クロマチン相互作用、非コードRNAについてゲノム機能制御機構の解析を進めています。

### トランスレーショナル研究

がん細胞ゲノムに生じた遺伝子変異やエピゲノム変異は正常細胞には存在せず、がん細胞のみが保有することから、特異的な分子治療標的、診断マーカーとして注目されており、NGSを用いた変異解析やトランスクリプトーム解析によって新たな創薬標的分子の探索を進めています。

We are working with systems biology and medicine to understand complex biological systems through a functional genomics approach. High throughput technology and novel algorithms are required for collecting, integrating, and visualizing the enormous amount of data on gene expression, protein expression, and protein interactions arising in the wake of the Human Genome Project. Alliance with external academics and industry will be crucial to the success of the new “systems biology”, that is, understanding biological systems as more than the sum of their parts.

### Personal cancer genome

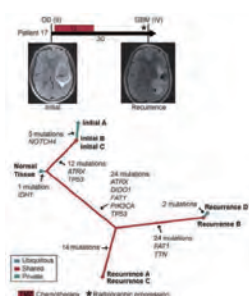
The variety of genetic and epigenetic alterations that accumulate in cancer genomes cause activation of oncogenes and inactivation of tumor suppressor genes, leading to cellular transformation. Next generation sequencing technology has enabled us to obtain individual genomic information within feasible cost and time constraints. Since 2008 my group has participated in the International Cancer Genome Consortium and is studying the genomic alterations in liver and gastric cancers.

### Chromatin regulation

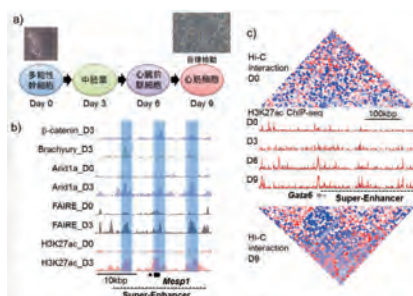
Epigenetic processes are essential for the packaging and interpretation of the genome, fundamental to normal development and cell differentiation, and increasingly recognized as being involved in human disease. Epigenetic mechanisms, which include histone modification, positioning of histone variants, nucleosome remodeling, DNA methylation, and non-coding RNAs, are considered as “cellular memory”. We have applied genomic technologies, such as ChIP-seq and chromatin interaction, to map these epigenetic marks and high-order structure throughout the genome and to elucidate how these marks are written and read.

### Translational research

Functional genomic approaches are applied to identify novel biomarkers for disease diagnostics and therapeutics.



① 脳腫瘍悪化におけるクローン進化  
Clonal evolution in glioma progression



② 細胞分化におけるエピゲノム転換  
Epigenome dynamics in cellular differentiation



特任准教授  
**永江 玄太**  
Genta NAGAE  
Project Associate Professor  
専門分野： エピゲノミクス、DNAメチル化  
Specialized field: Epigenomics, DNA methylation, Translational research  
E-mail: nagaeg-ky@umin.ac.jp



特任准教授  
**辰野 健二**  
Kenji TATSUNO  
Project Associate Professor  
専門分野： がんゲノム解析、  
遺伝子パネル検査、精密ゲノム医療  
Specialized field: Cancer Genome Analysis,  
Gene Panel Test, Precision Medicine  
E-mail: tatsuno@genome.rcast.u-tokyo.ac.jp

油谷 浩幸  
シニアリサーチフェロー  
Hiroyuki ABURATANI  
Senior Research Fellow  
堤 修一 特任准教授  
Shuichi TSUTSUMI  
Project Associate Professor